

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

| | | |
|--|------------------|---|
| <p>(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10</p> | <p>A2</p> | <p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461</p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)</p> |
| <p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p> | | <p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p>Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p> |
| <p>(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE</p> <p>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE</p> <p>(57) Abstract</p> <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> <p>(57) Zusammenfassung</p> <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p> | | |

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

| | | | | | | | |
|----|------------------------------|----|--------------------------------------|----|--|----|-----------------------------------|
| AL | Albanien | ES | Spanien | LS | Lesotho | SI | Slowenien |
| AM | Armenien | FI | Finnland | LT | Litauen | SK | Slowakei |
| AT | Österreich | FR | Frankreich | LU | Luxemburg | SN | Senegal |
| AU | Australien | GA | Gabun | LV | Lettland | SZ | Swasiland |
| AZ | Aserbaidschan | GB | Vereinigtes Königreich | MC | Monaco | TD | Tschad |
| BA | Bosnien-Herzegowina | GE | Georgien | MD | Republik Moldau | TG | Togo |
| BB | Barbados | GH | Ghana | MG | Madagaskar | TJ | Tadschikistan |
| BE | Belgien | GN | Guinea | MK | Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien | TM | Turkmenistan |
| BF | Burkina Faso | GR | Griechenland | | | TR | Türkei |
| BG | Bulgarien | HU | Ungarn | ML | Mali | TT | Trinidad und Tobago |
| BJ | Benin | IE | Irland | MN | Mongolei | UA | Ukraine |
| BR | Brasilien | IL | Israel | MR | Mauritanien | UG | Uganda |
| BY | Belarus | IS | Island | MW | Malawi | US | Vereinigte Staaten von Amerika |
| CA | Kanada | IT | Italien | MX | Mexiko | UZ | Usbekistan |
| CF | Zentralafrikanische Republik | JP | Japan | NE | Niger | VN | Vietnam |
| CG | Kongo | KE | Kenia | NL | Niederlande | YU | Jugoslawien |
| CH | Schweiz | KG | Kirgisistan | NO | Norwegen | ZW | Zimbabwe |
| CI | Côte d'Ivoire | KP | Demokratische Volksrepublik Korea | NZ | Neuseeland | | |
| CM | Kamerun | | | PL | Polen | | |
| CN | China | KR | Republik Korea | PT | Portugal | | |
| CU | Kuba | KZ | Kasachstan | RO | Rumänien | | |
| CZ | Tschechische Republik | LC | St. Lucia | RU | Russische Föderation | | |
| DE | Deutschland | LI | Liechtenstein | SD | Sudan | | |
| DK | Dänemark | LK | Sri Lanka | SE | Schweden | | |
| EE | Estland | LR | Liberia | SG | Singapur | | |

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares
- 35 Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

- 10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

- 30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

- 40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- 50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein

bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense 45 Form verwendet werden.

- Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

15 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 15 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

- 25 minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 35 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 40 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 45 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 50 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und
15 dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.
20 Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es
35 wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das
40 Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen
45 Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und
50 ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

5 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in
20 verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

30 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | | 0.0026 | | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0102 | | 0.0038 | | 2.7221 | 0.3674 |
| | Duennndarm | 0.0092 | | 0.0165 | | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0090 | | 0.0078 | | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0150 | | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | | 0.0093 | | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0059 | | 0.0031 | | 1.9199 | 0.5209 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | | 0.0379 | | 0.1059 | 9.4460 |
| | Haut | 0.0073 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | | 0.0065 | | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0114 | | 0.0041 | | 2.7942 | 0.3579 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | | 0.0153 | | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | | 0.0120 | | 0.8567 | 1.1673 |
| 20 | Niere | 0.0081 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | | 0.0064 | | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | | 0.1055 | | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| | | | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0076 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0171 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | | | |

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

| 5 | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0056 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0104 | 0.2878 | 3.4745 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0031 | 0.9599 | 1.0417 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| 35 | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| 40 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 50 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 55 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 60 | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| 65 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.3166 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0281 | 0.2774 | 3.6055 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0188 | 0.4764 | 2.0992 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0176 | 0.4852 | 2.0611 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0123 | 0.9599 | 1.0417 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| 20 | Lunge | 0.0073 | 0.0020 | 3.5562 | 0.2812 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0240 | 0.1428 | 7.0040 |
| | Niere | 0.0136 | 0.0274 | 0.4956 | 2.0176 |
| 25 | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0149 | 0.7312 | 1.3677 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1583 | 0.0427 | 23.4317 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0272 | 0.2806 | 3.5642 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0160 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0194 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0145 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0076 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0194 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0120 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 | 0.3967 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0036 | 0.0036 | 1.0208 | 0.9796 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0053 | 0.0137 | 0.3855 | 2.5941 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0078 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | 0.0000 | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0759 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0077 | 2.0339 | 0.4917 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0075 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0331 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0104 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0075 | 1.1321 | 0.8833 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0278 | 0.3451 | 2.8974 |
| | Gehirn | 0.0133 | 0.0164 | 0.8100 | 1.2346 |
| | Haematopoetisch | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0170 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0197 | 0.0164 | 1.2066 | 0.8288 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0180 | 0.1904 | 5.2530 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0274 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis | 0.0240 | 0.0267 | 0.8985 | 1.1129 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0192 | 0.2275 | 4.3961 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0272 | 0.8417 | 1.1881 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0250 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0178 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0354 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0245 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0228 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0551 | | | |
| | Hoden | 0.0386 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0181 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0026 | 2.3025 | 0.4343 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0139 | 0.6903 | 1.4487 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0092 | 0.4000 | 2.5001 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0120 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0043 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | 0.0000 | undef | undef |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | 0.0000 | undef | undef |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0108 | 0.0000 | undef | undef |
| | Nebenniere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 55 | Placenta | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 65 | Eierstock_t | 0.0203 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Foetal | 0.0047 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 75 | Nerven | 0.0050 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0137 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | 0.0000 | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Placenta | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock_t | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Foetal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 60 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Nerven | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0090 | 0.0188 | 0.4764 | 2.0992 |
| | Duenn darm | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0051 | 0.0050 | 1.0189 | 0.9815 |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 | 1.0163 |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0213 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0342 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0038 | 0.0019 | 2.0416 | 0.4898 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0201 | 0.1698 | 5.8889 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0072 | 1.1314 | 0.8839 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 | 0.6513 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1583 | 0.0427 | 23.4317 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0093 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0000 | | | |
| | Gehirn 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut 0.0000 | | | |
| | Hepatisch 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere 0.0000 | | | |
| | Niere 0.0000 | | | |
| | Placenta 0.0000 | | | |
| | Prostata 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | | | |
| | Foetal 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel 0.0000 | | | |
| | Hoden 0.0000 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| | Nerven 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Uterus_n 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | 0.0000 | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0128 | 0.6102 | 1.6389 |
| | Brust | 0.0153 | 0.0188 | 0.8166 | 1.2245 |
| | Duenn darm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0182 | 0.4934 | 2.0268 |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0187 | 0.0100 | 1.8679 | 0.5354 |
| | Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0324 | 0.5917 | 1.6901 |
| | Gehirn | 0.0067 | 0.0205 | 0.3240 | 3.0866 |
| | Haematopoetisch | 0.0147 | 0.0379 | 0.3882 | 2.5762 |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0323 | 0.4412 | 2.2666 |
| | Herz | 0.0148 | 0.0275 | 0.5397 | 1.8529 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0156 | 0.0102 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0307 | 0.9454 | 1.0578 |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0120 | 1.2850 | 0.7782 |
| | Niere | 0.0407 | 0.0068 | 5.9478 | 0.1681 |
| 25 | Pankreas | 0.0132 | 0.0110 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0085 | 1.7913 | 0.5582 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0068 | 3.3668 | 0.2970 |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0165 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0393 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0476 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.1114 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0175 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0292 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0111 | 0.0031 | 3.5998 | 0.2778 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0041 | 0.7621 | 1.3122 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

| | | |
|----|-------------------|--------|
| | Brust | 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0070 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0100 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0208 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0256 | 0.3051 | 3.2777 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0113 | 0.7939 | 1.2595 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0286 | 0.3140 | 3.1849 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0255 | 0.0050 | 5.0944 | 0.1963 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0185 | 0.5177 | 1.9316 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0082 | 0.5400 | 1.8520 |
| | Haematopoetisch | 0.0134 | 0.0379 | 0.3529 | 2.8338 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0285 | 0.0194 | 1.4706 | 0.6800 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0275 | 0.1542 | 6.4853 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0083 | 0.0184 | 0.4516 | 2.2144 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0274 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0533 | 0.1123 | 8.9035 |
| | Prostata | 0.0262 | 0.0192 | 1.3648 | 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1583 | 0.0427 | 23.4317 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0297 | | | |
| | Samenblase | 0.0356 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0113 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0389 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | |
| | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0458 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0195 | 0.0102 | 1.9068 | 0.5244 |
| | Brust 0.0115 | 0.0132 | 0.8750 | 1.1429 |
| | Duennndarm 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock 0.0060 | 0.0078 | 0.7675 | 1.3029 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0119 | 0.0125 | 0.9509 | 1.0516 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0096 | 0.0139 | 0.6903 | 1.4487 |
| | Gehirn 0.0096 | 0.0041 | 2.3399 | 0.4274 |
| | Haematopoetisch 0.0080 | 0.0379 | 0.2117 | 4.7230 |
| | Haut 0.0330 | 0.2542 | 0.1300 | 7.6946 |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz 0.0127 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0115 | 0.0468 | 0.2460 | 4.0652 |
| | Lunge 0.0052 | 0.0082 | 0.6350 | 1.5747 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis 0.0150 | 0.0267 | 0.5616 | 1.7807 |
| | Prostata 0.0087 | 0.0106 | 0.8189 | 1.2211 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein 0.0458 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0384 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0030 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0113 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0056 | | | |
| | Gehirn 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut 0.0000 | | | |
| | Hepatisch 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0036 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere 0.0000 | | | |
| | Niere 0.0000 | | | |
| | Placenta 0.0121 | | | |
| | Prostata 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 50 | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | | | |
| | Foetal 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel 0.0065 | | | |
| | Hoden 0.0077 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| | Nerven 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0077 | | | |
| | Uterus_n 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.2111 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0128 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0075 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0104 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0102 | 0.0125 | 0.8151 | 1.2268 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0093 | 1.8638 | 0.5365 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0010 | 5.0397 | 0.1984 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0201 | 0.0412 | 0.4883 | 2.0480 |
| | Hoden | 0.0288 | 0.0234 | 1.2299 | 0.8130 |
| | Lunge | 0.0114 | 0.0184 | 0.6209 | 1.6105 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0180 | 0.4759 | 2.1012 |
| 20 | Niere | 0.0217 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0149 | 0.0221 | 0.6731 | 1.4857 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0170 | 0.3839 | 2.6051 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0130 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0078 | 0.0026 | 3.0509 | 0.3278 |
| | Brust 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0007 | 0.0041 | 0.1800 | 5.5559 |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0032 | 0.0137 | 0.2313 | 4.3235 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere 0.0000 | 0.0205 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0030 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0017 | | | |
| | Zervix 0.0106 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0028 |
| | Gehirn 0.0063 |
| 40 | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0072 |
| 45 | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| 50 | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 55 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0029 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| 60 | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0154 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0030 |
| 65 | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| | Uterus_n 0.0083 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0064 | 0.0019 | 3.4026 | 0.2939 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0025 | 2.7170 | 0.3681 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0031 | 3.8398 | 0.2604 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0085 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0377 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0111 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0194 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0041 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0102 | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0038 | 1.0208 | 0.9796 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0185 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0031 | 1.1999 | 0.8334 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0041 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0136 | 0.0068 | 1.9826 | 0.5044 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0954 | 0.1067 | 9.3678 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0140 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0680 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0070 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0125 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0041 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0232 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0153 | 0.0094 | 1.6333 | 0.6123 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0130 | 0.2303 | 4.3431 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0256 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0520 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0105 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0128 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0038 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0061 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0085 | 0.2559 | 3.9077 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0104 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0056 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0041 | 0.8999 | 1.1112 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0137 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0036 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0068 | 0.0050 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0041 | 0.5400 | 1.8520 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0249 |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Brust | 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.2639 | 0.0256 | 39.0528 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0038 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0082 | 0.1270 | 7.8735 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0081 | 0.0479 | 0.1699 | 5.8845 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.2639 | 0.0256 | 39.0528 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0340 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0036 | 0.0019 | 2.0416 | 0.4898 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0120 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0120 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 40 | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 50 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 60 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 65 | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0038 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0404 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0020 | 3.5562 | 0.2812 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0269 | 0.1066 | 0.2527 | 3.9571 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 65 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0156 | 0.1919 | 5.2117 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0231 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0106 | 0.2047 | 4.8846 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0032 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 65 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0077 | 2.0339 | 0.4917 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0113 | 0.4537 | 2.2042 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0251 | 0.5434 | 1.8403 |
| | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0185 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0041 | 2.8798 | 0.3472 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0129 | 0.7353 | 1.3600 |
| | Herz | 0.0064 | 0.0275 | 0.2313 | 4.3235 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| 20 | Lunge | 0.0187 | 0.0164 | 1.1431 | 0.8748 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0060 | 1.1422 | 0.8755 |
| | Niere | 0.0081 | 0.0205 | 0.3965 | 2.5219 |
| 25 | Pankreas | 0.0182 | 0.0055 | 3.2906 | 0.3039 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0213 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1583 | 0.0854 | 11.7158 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0199 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0122 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0399 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0454 | | | |
| | Hoden | 0.0231 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0301 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 80 | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0102 | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0226 | 0.4537 | 2.2042 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0078 | 0.3838 | 2.6058 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0150 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0046 | 3.3134 | 0.3018 |
| | Gehirn | 0.0074 | 0.0103 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0379 | 0.1412 | 7.0845 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0129 | 1.1029 | 0.9067 |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0137 | 0.5397 | 1.8529 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0125 | 0.0164 | 0.7621 | 1.3122 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0060 | 2.5700 | 0.3891 |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0276 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0533 | 0.2808 | 3.5614 |
| | Prostata | 0.0196 | 0.0149 | 1.3161 | 0.7598 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0706 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0251 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0139 | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0217 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0185 | | | |
| | Placenta | 0.0303 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0557 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0402 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0610 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0342 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0486 | | | |
| | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.0328 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| | Uterus_n | 0.0291 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0094 | 0.1361 | 7.3472 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0100 | 0.1698 | 5.8889 |
| | Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0093 | 1.4496 | 0.6898 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0062 | 0.8400 | 1.1905 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0053 | 0.0412 | 0.1285 | 7.7824 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| 20 | Lunge | 0.0052 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0060 | 1.1422 | 0.8755 |
| | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0221 | 0.0748 | 13.3713 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0085 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0204 | 0.7482 | 1.3366 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

| | %Haeufigkeit |
|-------------------|--------------|
| Brust | 0.0000 |
| Eierstock_n | 0.0000 |
| Eierstock_t | 0.0000 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| Foetal | 0.0006 |
| Gastrointestinal | 0.0000 |
| Haematopoetisch | 0.0000 |
| Haut-Muskel | 0.0000 |
| Hoden | 0.0000 |
| Lunge | 0.0000 |
| Nerven | 0.0000 |
| Prostata | 0.0000 |
| Sinnesorgane | 0.0000 |
| Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.2111 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Brust | 0.0204 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Nebenniere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 55 | Placenta | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Foetal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 75 | Nerven | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0125 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0031 | 0.4800 | 2.0835 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0441 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0954 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Brust | 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0017 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| | Hoden | 0.0077 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0010 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0106 | 0.2047 | 4.8846 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0026 | 2.3025 | 0.4343 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 |
| | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0093 | 0.6213 | 1.6096 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0041 | 0.5400 | 1.8520 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0128 | 0.9153 | 1.0926 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0132 | 0.3889 | 2.5715 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0102 | 0.0125 | 0.8151 | 1.2268 |
| | Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0046 | 2.8992 | 0.3449 |
| | Gehirn | 0.0103 | 0.0113 | 0.9163 | 1.0913 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0194 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0234 | 0.7380 | 1.3551 |
| 20 | Lunge | 0.0145 | 0.0123 | 1.1854 | 0.8436 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0190 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0085 | 0.2559 | 3.9077 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

| | | |
|----|-------------------|--------|
| | Brust | 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0366 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0020 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0042 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0075 | 0.5104 | 1.9593 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0185 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0085 | 1.2795 | 0.7815 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.1908 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | 0.0000 | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0281 | 0.0226 | 1.2476 | 0.8015 |
| | Duenn darm | 0.0307 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0324 | 0.4733 | 2.1127 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0072 | 0.6171 | 1.6205 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0061 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0180 | 0.8567 | 1.1673 |
| | Niere | 0.0217 | 0.0068 | 3.1722 | 0.3152 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0139 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0303 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0476 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0208 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0102 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0115 | 0.0207 | 0.5568 | 1.7960 |
| | Duennndarm | 0.0215 | 0.0165 | 1.2976 | 0.7707 |
| | Eierstock | 0.0240 | 0.0260 | 0.9210 | 1.0858 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0176 | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0139 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0170 | 0.0246 | 0.6900 | 1.4494 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0238 | 0.0194 | 1.2255 | 0.8160 |
| | Herz | 0.0180 | 0.0275 | 0.6553 | 1.5260 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| 20 | Lunge | 0.0156 | 0.0164 | 0.9526 | 1.0498 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0060 | 1.7133 | 0.5837 |
| | Niere | 0.0081 | 0.0411 | 0.1983 | 5.0439 |
| 25 | Pankreas | 0.0116 | 0.0055 | 2.0940 | 0.4775 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0267 | 0.5616 | 1.7807 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0043 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0139 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0125 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0194 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0211 | | | |
| | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0128 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0056 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0075 | 1.5849 | 0.6309 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0072 | 0.8228 | 1.2153 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0020 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0120 | 0.1428 | 7.0040 |
| 20 | Niere | 0.0136 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0276 | 0.1197 | 8.3571 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0170 | 0.8957 | 1.1165 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0083 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0124 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0249 |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| | Brust | 0.0136 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0058 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0051 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0094 | 0.4083 | 2.4491 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0331 | 0.0927 | 10.7893 |
| | Eierstock | 0.0150 | 0.0208 | 0.7195 | 1.3898 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0136 | 0.0100 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0046 | 4.9700 | 0.2012 |
| | Gehirn | 0.0096 | 0.0082 | 1.1699 | 0.8547 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 | 0.7873 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0387 | 0.0077 | 5.0421 | 0.1983 |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 | 2.3347 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0274 | 0.2974 | 3.3626 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0110 | 0.7479 | 1.3371 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0267 | 0.5616 | 1.7807 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0043 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.2111 | 0.0320 | 31.2422 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0256 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0236 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0356 | | | |
| | Lunge | 0.0289 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0628 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0228 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0231 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0244 | 0.0137 | 1.7843 | 0.5604 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.1055 | | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0038 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0128 | 0.6102 | 1.6389 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0188 | 0.2042 | 4.8982 |
| | Duennndarm | 0.0153 | 0.0331 | 0.4634 | 2.1579 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0208 | 0.5756 | 1.7372 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0125 | 1.0868 | 0.9201 |
| | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0041 | 1.2599 | 0.7937 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0847 | 0.0000 | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0095 | 0.0194 | 0.4902 | 2.0400 |
| | Herz | 0.0307 | 0.0275 | 1.1179 | 0.8945 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0351 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0286 | 0.1452 | 6.8893 |
| 20 | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 | 2.3347 |
| | Niere | 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0116 | 0.0110 | 1.0470 | 0.9551 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0044 | 0.0106 | 0.4095 | 2.4423 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1583 | 0.0854 | 11.7158 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0204 | 0.3741 | 2.6732 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.1908 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0160 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0130 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0557 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0194 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0748 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| 55 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0105 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 65 | Haut-Muskel | 0.0421 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duennndarm | 0.0215 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0182 | 0.3289 | 3.0402 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0728 | 0.0185 | 3.9346 | 0.2542 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0259 | 0.1838 | 5.4400 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0114 | 0.0061 | 1.8628 | 0.5368 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0387 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0106 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0608 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.2111 | 0.0320 | 31.2422 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 40 | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0309 |
| 50 | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | | |

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| 60 | Eierstock_t | 0.0051 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0047 |
| | Gastrointestinal | 0.0366 |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0125 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 | 2.9526 |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 40 | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| 45 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 50 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 60 | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 65 | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0051 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0075 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0125 | 0.9509 | 1.0516 |
| | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0051 | 1.1519 | 0.8681 |
| | Haematopoetisch | 0.0187 | 0.0379 | 0.4940 | 2.0241 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| 20 | Lunge | 0.0073 | 0.0041 | 1.7781 | 0.5624 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0120 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 | 0.6513 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0204 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.2513 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0038 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0078 | 1.1513 | 0.8686 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0075 | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0231 | 0.0828 | 12.0723 |
| | Gehirn | 0.0089 | 0.0031 | 2.8798 | 0.3472 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0031 | 0.0061 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0060 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0208 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.2111 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 40 | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| 45 | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 60 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| 65 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| 40 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| 45 | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 50 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| 55 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 60 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| 65 | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| 60 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| 70 | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 75 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 80 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 85 | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| 90 | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0042 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0077 | 0.0150 | 0.5104 | 1.9593 |
| | Duennndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0208 | 0.4317 | 2.3163 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0150 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0268 | 0.0231 | 1.1597 | 0.8623 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0123 | 0.6600 | 1.5152 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0412 | 0.0257 | 38.9118 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0123 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0060 | 1.7133 | 0.5837 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0166 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0305 | 0.0554 | 0.5512 | 1.8143 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0507 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0131 | | | |
| | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0204 | 0.1907 | 5.2444 |
| | Brust | 0.0128 | 0.0075 | 1.7013 | 0.5878 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0078 | 0.3838 | 2.6058 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0139 | 0.2761 | 3.6217 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Prostata | 0.0044 | 0.0149 | 0.2925 | 3.4192 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0010 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brüst | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

| | | |
|----|-------------------|--------|
| | Brust | 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| 65 | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0000 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0090 | 0.0038 | 2.3818 | 0.4198 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0021 | 1.7999 | 0.5556 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0847 | 0.1300 | 7.6946 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0166 | 0.0997 | 10.0285 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0075 | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.2513 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefasse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0208 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0000 | | | |
| | Gehirn 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut 0.0000 | | | |
| | Hepatisch 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere 0.0000 | | | |
| | Niere 0.0000 | | | |
| | Placenta 0.0000 | | | |
| | Prostata 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | | | |
| | Foetal 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel 0.0000 | | | |
| | Hoden 0.0000 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| | Nerven 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Uterus_n 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0330 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0533 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Nebenniere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 55 | Placenta | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Foetal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 75 | Nerven | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_n | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0090 | 0.0038 | 2.3818 | 0.4198 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0021 | 1.7999 | 0.5556 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0847 | 0.1300 | 7.6946 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0166 | 0.0997 | 10.0285 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 45 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0038 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0062 | 0.6000 | 1.6668 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0041 | 0.7621 | 1.3122 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0267 | 0.1123 | 8.9035 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0231 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0050 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0038 | 0.0038 | 1.0208 | 0.9796 |
| | Duenndarm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0050 | 1.0189 | 0.9815 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0062 | 0.6000 | 1.6668 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0041 | 0.7621 | 1.3122 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0078 | 0.7675 | 1.3029 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0093 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0095 | 0.0412 | 0.2313 | 4.3235 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0031 | 0.0164 | 0.1905 | 5.2490 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0180 | 0.3807 | 2.6265 |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0064 | 0.3412 | 2.9308 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.2111 | 0.0320 | 31.2422 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0204 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0087 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0356 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0077 | 0.5085 | 1.9666 |
| | Brust | 0.0128 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0050 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0051 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0137 | 0.3084 | 3.2426 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0076 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0228 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0094 | 0.4083 | 2.4491 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 | 6.4853 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0041 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0128 | 0.3412 | 2.9308 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0456 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | | 0.0038 | | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | | 0.0052 | | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | | 0.0050 | | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | | 0.0041 | | 0.1800 | 5.5559 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0153 | | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | | 0.0021 | | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | | 0.1055 | | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| 75 | Nerven | 0.0110 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0077 | 2.5424 | 0.3933 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0075 | 1.1909 | 0.8397 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0078 | 0.7675 | 1.3029 |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 | 1.8403 |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0093 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0031 | 1.9199 | 0.5209 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0758 | 0.0353 | 28.3379 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 | 1.2610 |
| 25 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0145 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0228 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0060 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0230 | 1.0170 | 0.9833 |
| | Brust | 0.0269 | 0.0207 | 1.2992 | 0.7697 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0662 | 0.0927 | 10.7893 |
| | Eierstock | 0.0150 | 0.0572 | 0.2616 | 3.8219 |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0085 | 0.0100 | 0.8491 | 1.1778 |
| | Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0463 | 0.2899 | 3.4492 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0092 | 0.1600 | 6.2504 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0551 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0388 | 0.3676 | 2.7200 |
| | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| 20 | Lunge | 0.0073 | 0.0286 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiseröhre | 0.0966 | 0.0077 | 12.6053 | 0.0793 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| 25 | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0329 | 0.1600 | 0.2059 | 4.8565 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0043 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0532 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0417 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefäesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 65 | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0146 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0573 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1583 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | -Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0010 | 3.5998 | 0.2778 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0100 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0077 | 2.5424 | 0.3933 |
| | Brust | 0.0064 | 0.0075 | 0.8507 | 1.1756 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0153 | 0.0226 | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0093 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0092 | 0.8800 | 1.1364 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0379 | 0.1764 | 5.6676 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0194 | 0.2451 | 4.0800 |
| | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0083 | 0.0102 | 0.8129 | 1.2302 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0180 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| 25 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0329 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0064 | 2.3885 | 0.4187 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0136 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0069 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0099 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0342 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0387 | | | |
| 80 | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | _Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0486 | 0.6423 | 1.5569 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0282 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0399 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0210 | 0.0364 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0290 | 0.0326 | 0.8882 | 1.1258 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0460 | 0.0231 | 1.9880 | 0.5030 |
| | Gehirn | 0.0532 | 0.0575 | 0.9257 | 1.0803 |
| | Haematopoetisch | 0.0348 | 0.0379 | 0.9175 | 1.0899 |
| | Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0647 | 0.0735 | 13.5999 |
| 15 | Herz | 0.0699 | 0.0412 | 1.6961 | 0.5896 |
| | Hoden | 0.0288 | 0.4210 | 0.0683 | 14.6349 |
| | Lunge | 0.0343 | 0.0368 | 0.9314 | 1.0737 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0773 | 0.0230 | 3.3614 | 0.2975 |
| | Muskel-Skelett | 0.0497 | 0.0660 | 0.7528 | 1.3283 |
| 20 | Niere | 0.0353 | 0.1575 | 0.2241 | 4.4619 |
| | Pankreas | 0.0165 | 0.0939 | 0.1760 | 5.6828 |
| | Penis | 0.0299 | 0.0267 | 1.1232 | 0.8903 |
| | Prostata | 0.0196 | 0.0298 | 0.6580 | 1.5197 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.1583 | 0.1707 | 5.8579 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0679 | 0.3367 | 2.9702 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0505 | | | |
| | Samenblase | 0.0890 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0399 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0417 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0333 | | | |
| | Gehirn | 0.0313 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0197 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0783 | | | |
| | Lunge | 0.0217 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0507 | | | |
| | Niere | 0.0309 | | | |
| | Placenta | 0.0727 | | | |
| | Prostata | 0.0997 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0141 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0077 | 0.5085 | 1.9666 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0025 | 2.7170 | 0.3681 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit. | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0137 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0128 | 0.6102 | 1.6389 |
| | Brust | 0.0115 | 0.0169 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0260 | 0.2303 | 4.3431 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0153 | 0.0176 | 0.8733 | 1.1451 |
| | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0074 | 0.0092 | 0.8000 | 1.2501 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0758 | 0.1059 | 9.4460 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz | 0.0201 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0234 | 0.2460 | 4.0652 |
| | Lunge | 0.0114 | 0.0164 | 0.6985 | 1.4315 |
| 20 | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 | 0.3967 |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 | 2.3347 |
| | Niere | 0.0136 | 0.0137 | 0.9913 | 1.0088 |
| | Pankreas | 0.0066 | 0.0110 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Prostata | 0.0065 | 0.0128 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| 30 | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| 45 | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 50 | Placenta | 0.0424 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| 55 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0099 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| 65 | Haut-Muskel | 0.0259 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0090 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0150 | 0.9357 | 1.0687 |
| | Duenndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0104 | 1.1513 | 0.9686 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0102 | 0.0176 | 0.5822 | 1.7176 |
| | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0072 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0234 | 0.2460 | 4.0652 |
| 20 | Lunge | 0.0104 | 0.0204 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0240 | 0.3569 | 2.8016 |
| | Niere | 0.0244 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0066 | 0.0110 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0149 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.2111 | 0.1280 | 7.8106 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0136 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0327 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0305 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0313 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0520 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0253 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0309 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0093 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0383 | 0.7119 | 1.4047 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0244 | 0.5758 | 1.7366 |
| | Duenndarm | 0.0245 | 0.0331 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0312 | 0.3838 | 2.6058 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0290 | 0.0201 | 1.4434 | 0.6928 |
| | Gastrointestinal | 0.0287 | 0.0278 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0133 | 0.0298 | 0.4469 | 2.2378 |
| | Haematopoetisch | 0.0281 | 0.0379 | 0.7411 | 1.3494 |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0847 | 0.0866 | 11.5419 |
| | Hepatisch | 0.0381 | 0.0259 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz | 0.0191 | 0.1512 | 0.1262 | 7.9265 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0702 | 0.2460 | 4.0652 |
| 20 | Lunge | 0.0447 | 0.0470 | 0.9498 | 1.0528 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0773 | 0.0153 | 5.0421 | 0.1983 |
| | Muskel-Skelett | 0.0668 | 0.0420 | 1.5909 | 0.6286 |
| | Niere | 0.0190 | 0.0342 | 0.5551 | 1.8014 |
| 25 | Pankreas | 0.0066 | 0.0331 | 0.1994 | 5.0142 |
| | Penis | 0.0150 | 0.1600 | 0.0936 | 10.6842 |
| | Prostata | 0.0196 | 0.0149 | 1.3161 | 0.7598 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0204 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.1240 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0364 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0408 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0169 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0454 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 80 | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0390 | 0.0383 | 1.0170 | 0.9833 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0301 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0429 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0156 | 0.1919 | 5.2117 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0358 | 0.0351 | 1.0189 | 0.9815 |
| | Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0278 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0148 | 0.0226 | 0.6545 | 1.5279 |
| | Haematopoetisch | 0.0227 | 0.2273 | 0.1000 | 10.0016 |
| 15 | Haut | 0.0367 | 0.1695 | 0.2166 | 4.6168 |
| | Hepatisch | 0.0285 | 0.0582 | 0.4902 | 2.0400 |
| | Herz | 0.0445 | 0.0687 | 0.6476 | 1.5441 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0234 | 0.7380 | 1.3551 |
| 20 | Lunge | 0.0291 | 0.0470 | 0.6185 | 1.6169 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0580 | 0.0153 | 3.7816 | 0.2644 |
| | Muskel-Skelett | 0.0685 | 0.0840 | 0.8159 | 1.2257 |
| | Niere | 0.0244 | 0.0685 | 0.3569 | 2.8022 |
| 25 | Pankreas | 0.0116 | 0.0607 | 0.1904 | 5.2530 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0064 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.6332 | 0.0213 | 46.8633 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0408 | 0.1870 | 5.3463 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0867 | | | |
| | Zervix | 0.0639 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0236 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0997 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0464 | | | |
| 80 | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0102 | 0.0038 | 2.7221 | 0.3674 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0078 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0150 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0031 | 1.9199 | 0.5209 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0379 | 0.1059 | 9.4460 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0114 | 0.0041 | 2.7942 | 0.3579 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0120 | 0.8567 | 1.1673 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0076 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0051 | 3.0509 | 0.3278 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0038 | 0.0000 | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0331 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0050 | 1.0189 | 0.9815 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0139 | 0.5522 | 1.8109 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0062 | 0.9599 | 1.0417 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0085 | 0.0275 | 0.3084 | 3.2426 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0143 | 0.4355 | 2.2964 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0276 | 0.1197 | 8.3571 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0242 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0356 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0090 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0056 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0052 | 2.3025 | 0.4343 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0046 | 1.6567 | 0.6036 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0275 | 0.0000 | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0041 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0094 | 0.5444 | 1.8368 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0100 | 0.8491 | 1.1778 |
| | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0041 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 | 12.9706 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| 20 | Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 | 0.4921 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0043 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0116 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0060 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0064 | 0.0150 | 0.4253 | 2.3511 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0496 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0026 | 2.3025 | 0.4343 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0050 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0046 | 2.0708 | 0.4829 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0051 | 1.0079 | 0.9921 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0083 | 0.0061 | 1.3548 | 0.7381 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1055 | 0.0640 | 15.6211 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0139 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

2.2 Fisher-Test

- Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

- Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_j (j : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).

- Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

- Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

| Sequenz ID No.: | Expression im Endometrium-Tumor: | Funktion | Module | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Cytogenetische Lokalisation | nächster Marker |
|-----------------|----------------------------------|---|-------------|---|-----------------------------|-----------------|
| 1 | erhöht | unbekannt | | 1046 | 2p24-2p21 | D2S174-D2S390 |
| 2 | erhöht | Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein | 2x "CSD" | 373 | | |
| 3 | erhöht | Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17 | | 1571 | 1q32.1 | D1S477-D1S504 |
| 4 | erhöht | Homolog zu Human mRNA for KIAA0079 | | 1789 | 10q21.3-q22.2 | D10S537-D10S218 |
| 5 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid T23B12 | "BTB" | 2361 | | |
| 6 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid C01A2 | | 1638 | 20q13.32-q13.33 | D20S100-D20S173 |
| 7 | erhöht | unbekannt | | 1034 | 12q12 | D12S1589-D12S85 |
| 8 | erhöht | unbekannt | | 947 | 17p11.2-p12 | AFMa126yd5 |
| 9 | erhöht | unbekannt | | 497 | | |
| 10 | erhöht | unbekannt | | 269 | | |
| 11 | erhöht | unbekannt | | 1717 | | |
| 12 | erhöht | unbekannt | "zf-C3HC4" | 1419 | | |
| 13 | erhöht | unbekannt | | 671 | 2q37.3 | D2S2704 |
| 14 | erhöht | unbekannt | | 524 | | |
| 15 | erhöht | unbekannt | | 345 | | |
| 16 | erhöht | rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13 | | 1060 | 7q33-7q36.1 | WI-9353 |
| 17 | erhöht | Rattus norvegicus neuritin | | 1721 | 6p23-p25.1 | D6S1617-D6S1674 |
| 18 | erhöht | Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase | "isodh" | 2367 | 2q34 | WI-1247 |
| 19 | erhöht | Rat unr mRNA for unr protein with unknown function | 2x "CSD" | 1321 | 1p13.3-1q11 | D1S418-D1S252 |
| 20 | erhöht | Rat prostatic binding protein polypeptide c1 | | 384 | | |
| 21 | erhöht | Rat GTP-binding protein (ral B) | | 367 | | |
| 22 | erhöht | R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit | | 2621 | 3q24-q25.2 | D3S1570 |
| 23 | erhöht | P. sativum mRNA for Cop1 protein | 2x "G-beta" | 2019 | 1q23.3-q24.3 | D1S242-D1S416 |
| 24 | erhöht | P. falciparum pfmdr1 gene | | 1866 | 18q12.1-q12.3 | AFM164ya9 |
| 25 | erhöht | ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog | | 1189 | | |

| Sequenz ID No.: | Expression im Endometrium-Tumor: | Funktion | Module | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Cytogenetische Lokalisation | nächster Marker |
|-----------------|----------------------------------|---|-------------------------------------|---|-----------------------------|-----------------|
| 26 | erhöht | O.cuniculus lambda-crystallin mRNA | "3HCDH" | 1418 | | |
| 27 | erhöht | Mus musculus flotillin | | 814 | | |
| 28 | erhöht | Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase | | 3039 | 10q25.1-q25.2 | D10S1465 |
| 29 | erhöht | Mouse clathrin-associated protein (AP47) | "Adap_comp_sub" | 1448 | | |
| 30 | erhöht | Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase | "CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy" | 1394 | | |
| 31 | erhöht | Leucine aminopeptidase, bovine | "Peptidase_M17" | 734 | | |
| 32 | erhöht | Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead) | 2x "DEAD" | 692 | | |
| 33 | erhöht | Human mammaglobin Homolog | "Uteroglobulin" | 517 | | |
| 34 | erhöht | Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X | | 322 | | |
| 35 | erhöht | Human DNA sequence from clone 230G1 | | 1559 | | |
| 36 | erhöht | Human DNA sequence from clone 217C2 | | 1072 | | D22S420-D22S446 |
| 37 | erhöht | Human Cosmid Clone 26a1 | "RhoGAP" | 454 | 22.q11.21-q11.23 | |
| 38 | erhöht | Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence | | 700 | 3p21.1 | |
| 39 | erhöht | Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246 | | 914 | | |
| 40 | erhöht | H.sapiens mRNA for Ptg-1 protein | | 1669 | 17q21.31-q21.33 | D17S791-D17S797 |
| 41 | erhöht | H.sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment | | 355 | | |
| 42 | erhöht | H.sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line | | 2628 | 3q24 | D3S3413 |
| 43 | erhöht | Genomic sequence from Human 9q34 | | 2535 | 9q34.11-q34.13 | D9S179-D9S164 |
| 44 | erhöht | Drosophila melanogaster misato gene | "MYB_3" | 805 | 1q21.2 | D1S305-D1S506 |
| 45 | erhöht | Chicken mRNA for vitellogenin I | | 1279 | | |
| 46 | erhöht | Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4 | | 1923 | | |
| 47 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid ZK863 | | 706 | | |
| 48 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid ZK863 | | 749 | | |
| 49 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid ZK596 | | 857 | 10q26.13 | D10S212 |
| 50 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid T26A5 | | 268 | | |
| 51 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid T21G5 | | 297 | | |
| 52 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid F56D5 | | 590 | | |
| 53 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid F25D7 | | 1714 | | |
| 54 | erhöht | Caenorhabditis elegans cosmid F08C6 | | 1340 | | |
| 55 | erhöht | C.botulinum bont (partial) and nth genes | | 765 | 3q24-q23 | D3S3409 |

| Sequenz ID No.: | Expression im Endometrium-Tumor: | Funktion | Module | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Cytogenetische Lokalisation | nächster Marker |
|-----------------|----------------------------------|--|----------------------------|---|-----------------------------|-----------------|
| 56 | erhöht | Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3) | "complex1_4 9Kd" | 1647 | | |
| 57 | erhöht | Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32) | | 1166 | | |
| 58 | erhöht | A. thaliana mRNA for RNA helicase | | 487 | | |
| 59 | erhöht | A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4) | | 1630 | 5q23.3-q31.1 | D5S396-D5S2119 |
| 60 | erhöht | Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19) | 2x "PX"; "BEM_DOM AIN" | 1272 | 6q21 | AFMa191wd1 |
| 61 | erhöht | Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328 | 2x "DEAD"; "helicase_C" | 1914 | 7p12.3-p13 | D7S667-D7S2427 |
| 62 | erhöht | S.pombe chromosome I cosmid c13D6 | | 608 | | |
| 63 | | Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain | | 2674 | 17q21.31-q22 | D17S797-D17S788 |
| 64 | | Rattus norvegicus matrixin (MMP-7) mRNA | | 326 | | |
| 65 | | Rattus norvegicus Diphor-1 | 2x "PDZ" | 888 | 1q12 | D1S2669-D1S498 |
| 66 | | Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR) | | 202 | | |
| 67 | | Homolog zu Human synapsin I (SYN1) | | 1225 | 1p22.3-p31.1 | WI-3099 |
| 68 | | Homolog zu Human PAX3 gene | | 1093 | | |
| 69 | | Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2) | | 309 | 1p21.3-p22.1 | D1S2166 |
| 70 | | Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4) | | 380 | | |
| 71 | | Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor | | 1253 | | |
| 72 | | Homolog zu H.sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase | | 439 | | |
| 73 | | Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B | | 1252 | 4p11-q12 | D4S1619-D4S1600 |
| 74 | | Caenorhabditis elegans cosmid T21D12 | "WW DO-MAIN 2" | 695 | | |
| 75 | | Caenorhabditis elegans cosmid R107 | | 2514 | 13q33.3-q34 | D13S261-D13S293 |
| 76 | | Caenorhabditis elegans cosmid M04C9 | | 274 | | |
| 77 | | Bovine opsin | "7tm_1" | 449 | | |
| 78 | | unbekannt | | 346 | | |
| 79 | | unbekannt | | 1329 | | |
| 80 | | unbekannt | | 805 | | |

| Sequenz ID No.: | Expression im Endometrium-Tumor: | Funktion | Module | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Cytogenetische Lokalisation | nächster Marker |
|-----------------|----------------------------------|-----------|--------------------------|---|-----------------------------|------------------|
| 81 | | unbekannt | | 420 | | |
| 82 | | unbekannt | | 2143 | 9q21.32-q22.1 | D9S264-D9S257 |
| 83 | | unbekannt | | 450 | | |
| 84 | | unbekannt | | 408 | 17q23.1-q23.2 | D17S1680 |
| 85 | | unbekannt | | 311 | | |
| 86 | | unbekannt | | 487 | | |
| 87 | | unbekannt | | 1902 | 11p12-p13 | WI-6150 |
| 88 | | unbekannt | | 1048 | 1q42.11-q43 | WI-9317 |
| 89 | | unbekannt | | 804 | | |
| 90 | | unbekannt | | 581 | | |
| 91 | | unbekannt | | 2042 | | |
| 92 | | unbekannt | | 430 | | |
| 93 | | unbekannt | | 592 | | |
| 94 | | unbekannt | | 674 | | |
| 95 | | unbekannt | | 324 | | |
| 96 | | unbekannt | | 709 | 5p15.33 | D5S1954 |
| 97 | | unbekannt | | 562 | | |
| 98 | | unbekannt | | 1948 | 16p13.2-p12.3 | D16S499 |
| 99 | | unbekannt | | 483 | | |
| 100 | | unbekannt | | 437 | | |
| 101 | | unbekannt | | 359 | | |
| 102 | | unbekannt | | 501 | | |
| 103 | | unbekannt | | 1102 | 1q23.1-q23.2 | D1S445-D1S431 |
| 104 | | unbekannt | | 306 | | |
| 105 | | unbekannt | | 2042 | | |
| 106 | | unbekannt | | 320 | | |
| 107 | | unbekannt | | 506 | | |
| 108 | | unbekannt | | 1276 | | |
| 109 | | unbekannt | | 373 | | |
| 110 | | unbekannt | TPR RE-PEAT [™] | 492 | | |
| 111 | | unbekannt | | 1678 | 6q21 | D6S278-D6S302 |
| 112 | | unbekannt | | 866 | 9q22.1-q22.2 | D9S1841-D9S196 |
| 113 | | unbekannt | | 1434 | 18q12.1-q12.3 | D18S1124-D18S468 |
| 114 | | unbekannt | | 914 | 7q32.3 | D7S686-D7S530 |
| 115 | | unbekannt | | 685 | 8p12-p11.23 | D8S1821-D8S255 |

| Sequenz ID No.: | Expression im Endometrium-Tumor: | Funktion | Module | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Cytogenetische Lokalisation | nächster Marker |
|-----------------|----------------------------------|---|------------------|---|-----------------------------|-----------------|
| 116 | | unbekannt | | 2646 | | |
| 117 | | unbekannt | | 2667 | | |
| 118 | | unbekannt | | 544 | | |
| 119 | | unbekannt | | 1340 | 18p11.21 | D18S471-D18S464 |
| 120 | | unbekannt | | 2376 | | |
| 121 | | unbekannt | | 225 | | |
| 122 | | unbekannt | | 1967 | 6q22.33-q23.1 | D6S292-D6S1699 |
| 123 | | unbekannt | | 612 | | |
| 124 | | unbekannt | | 1183 | 2q32.3-q34 | D2S315-D2S2237 |
| 125 | | unbekannt | | 891 | 4q28.1-q31.1 | |
| 126 | | unbekannt | | 482 | | |
| 127 | | Human triosephosphate isomerase mRNA | | 610 | | |
| 128 | | Human ras inhibitor mRNA | | 2072 | 9q33.3-q34.11 | |
| 129 | | Human R kappa B | | 980 | | |
| 130 | | Human putative interferon-related protein (SM15) | | 792 | | |
| 131 | | Human protein trafficking protein (S31iii125) | 2x "EMP24-GP25L" | 1092 | 14q32.2-14q32.33 | WI-9179 |
| 132 | | Human protein kinase C-binding protein RACK7 | | 1523 | 20q13.13-q13.2 | D20S957 |
| 133 | | Human gene for histone H1(0) | "linker_histone" | 2241 | 22q13.1 | |
| 134 | | Human cathepsin B proteinase | "Cys-protease" | 631 | | |
| 135 | | Homo sapiens cathepsin B mRNA | "Cys-protease" | 980 | | |
| 136 | | unbekannt | | 2238 | 14q24.1-14q24.3 | D14S277 |
| 137 | | H.sapiens XG mRNA | | 398 | | |
| 138 | | H.sapiens mRNA for RAB7 protein | ras | 1084 | 7q21.3-q22.1 | D7S652 |
| 139 | | H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase | | 1259 | | |
| 140 | | H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase | | 1938 | 1q22-q23.1 | |
| 141 | | H.sapiens IL-13Ra | | 1874 | Xq23 | |
| 531 | | Verlängerung von Seq. ID No. 19 | 2x "CSD" | 1708 | 1p13.3-1q11 | D1S418-D1S252 |
| 532 | | Verlängerung von Seq. ID No. 23 | 2x "G-beta" | 2128 | 1q23.3-q24.3 | D1S242-D1S416 |
| 533 | | Verlängerung von Seq. ID No. 25 | | 2640 | | |
| 534 | | Verlängerung von Seq. ID No. 32 | 2x "DEAD" | 1245 | | |
| 535 | | Verlängerung von Seq. ID No. 34 | | 822 | | |

| Sequenz ID No.: | Expression im Endometrium-Tumor: | Funktion | Module | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Cytogenetische Lokalisation | nächster Marker |
|-----------------|----------------------------------|----------------------------------|---------------------------|---|-----------------------------|-----------------|
| 536 | | Verlängerung von Seq. ID No. 43 | | 2703 | 9q34.11-q34.13 | D9S179-D9S164 |
| 537 | | Verlängerung von Seq. ID No. 44 | "MYB_3" | 2664 | 1q21.2 | D1S305-D1S506 |
| 538 | | Verlängerung von Seq. ID No. 52 | | 3888 | | |
| 539 | | Verlängerung von Seq. ID No. 54 | | 3304 | | |
| 540 | | Verlängerung von Seq. ID No. 55 | | 863 | 3q24-q23 | D3S3409 |
| 541 | | Verlängerung von Seq. ID No. 59 | | 1962 | 5q23.3-q31.1 | D5S396-D5S2119 |
| 542 | | Verlängerung von Seq. ID No. 60 | 2x "PX"; "BEM_DOM AIN" | 1772 | 6q21 | AFMa191wd1 |
| 543 | | Verlängerung von Seq. ID No. 65 | 2x "PDZ" | 1009 | 1q12 | D1S2669-D1S498 |
| 544 | | Verlängerung von Seq. ID No. 69 | | 2834 | 1p21.3-p22.1 | D1S2166 |
| 545 | | Verlängerung von Seq. ID No. 82 | | 2319 | 9q21.32-q22.1 | D9S264-D9S257 |
| 546 | | Verlängerung von Seq. ID No. 84 | | 2456 | 17q23.1-q23.2 | D17S1680 |
| 547 | | Verlängerung von Seq. ID No. 87 | | 2218 | 11p12-p13 | WI-6150 |
| 548 | | Verlängerung von Seq. ID No. 88 | | 2196 | 1q42.11-q43 | WI-9317 |
| 549 | | Verlängerung von Seq. ID No. 93 | | 701 | | |
| 550 | | Verlängerung von Seq. ID No. 98 | | 2214 | 16p13.2-p12.3 | D16S499 |
| 551 | | Verlängerung von Seq. ID No. 108 | | 1434 | | |
| 552 | | Verlängerung von Seq. ID No. 111 | | 2434 | 6q21 | D6S278-D6S302 |
| 554 | | Verlängerung von Seq. ID No. 114 | | 1457 | 7q32.3 | D7S686-D7S530 |
| 555 | | Verlängerung von Seq. ID No. 126 | | 741 | | |

TABELLE II

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| 1 | 142 |
| | 143 |
| | 144 |
| 2 | 145 |
| | 146 |
| | 147 |
| 3 | 148 |
| | 149 |
| | 150 |
| 4 | 151 |
| | 152 |
| | 153 |
| 5 | 154 |
| | 155 |
| | 156 |
| 6 | 157 |
| | 158 |
| | 159 |
| 7 | 160 |
| | 161 |
| | 162 |
| 8 | 163 |
| | 164 |
| | 165 |
| 9 | 166 |
| | 167 |
| | 168 |
| 10 | 169 |
| | 170 |
| | 171 |
| 11 | 172 |
| | 173 |
| | 174 |
| 12 | 175 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|---------------------------------------|--|
| 12 | 176 |
| | 177 |
| 13 | 178 |
| | 179 |
| | 180 |
| 14 | 181 |
| | 182 |
| | 183 |
| 15 | 184 |
| | 185 |
| | 186 |
| | 187 |
| 16 | 188 |
| | 189 |
| | 190 |
| 17 | 191 |
| | 192 |
| | 193 |
| 18 | 194 |
| | 195 |
| | 196 |
| 19 | 197 |
| | 198 |
| | 199 |
| 20 | 200 |
| | 201 |
| | 202 |
| 21 | 203 |
| | 204 |
| 22 | 205 |
| | 206 |
| | 207 |
| 23 | 208 |
| | 209 |
| | 210 |
| 24 | 211 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|---|--|
| 24 | 212 |
| | 213 |
| 25 | 214 |
| | 215 |
| | 216 |
| 26 | 217 |
| | 218 |
| | 219 |
| 27 | 220 |
| | 221 |
| | 222 |
| 28 | 223 |
| | 224 |
| | 225 |
| 29 | 226 |
| | 227 |
| | 228 |
| 30 | 229 |
| | 230 |
| | 231 |
| 31 | 232 |
| | 233 |
| | 234 |
| 32 | 235 |
| | 236 |
| | 237 |
| 33 | 238 |
| | 239 |
| | 240 |
| 34 | 241 |
| | 242 |
| | 243 |
| 35 | 244 |
| | 245 |
| | 246 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| | 247 |
| 36 | 248 |
| | 249 |
| 37 | 250 |
| | 251 |
| | 252 |
| 38 | 253 |
| | 254 |
| | 255 |
| 39 | 256 |
| | 257 |
| | 258 |
| 40 | 259 |
| | 260 |
| | 261 |
| 41 | 262 |
| | 263 |
| | 264 |
| 42 | 265 |
| | 266 |
| | 267 |
| 43 | 268 |
| | 269 |
| | 270 |
| 44 | 271 |
| | 272 |
| | 273 |
| 45 | 274 |
| | 275 |
| | 276 |
| 46 | 277 |
| | 278 |
| | 279 |
| 47 | 280 |
| | 281 |
| | 282 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| | 283 |
| 48 | 284 |
| | 285 |
| 49 | 286 |
| | 287 |
| | 288 |
| 50 | 289 |
| | 290 |
| | 291 |
| | 292 |
| 51 | 293 |
| | 294 |
| | 295 |
| 52 | 296 |
| | 297 |
| | 298 |
| 53 | 299 |
| | 300 |
| | 301 |
| 54 | 302 |
| | 303 |
| | 304 |
| 55 | 305 |
| | 306 |
| | 307 |
| 56 | 308 |
| | 309 |
| | 310 |
| 57 | 311 |
| | 312 |
| | 313 |
| 58 | 314 |
| | 315 |
| | 316 |
| 59 | 317 |
| | 318 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| | 319 |
| 60 | 320 |
| | 321 |
| | 322 |
| 61 | 323 |
| | 324 |
| | 325 |
| 62 | 326 |
| | 327 |
| | 328 |
| 63 | 329 |
| | 330 |
| | 331 |
| 64 | 332 |
| | 333 |
| | 334 |
| | 335 |
| 65 | 336 |
| | 337 |
| | 338 |
| 66 | 339 |
| | 340 |
| | 341 |
| 67 | 342 |
| | 343 |
| | 344 |
| 68 | 345 |
| | 346 |
| | 347 |
| 69 | 348 |
| | 349 |
| | 350 |
| 70 | 351 |
| | 352 |
| | 353 |
| 71 | 354 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| | 355 |
| | 356 |
| 72 | 357 |
| | 358 |
| | 359 |
| | 360 |
| 73 | 361 |
| | 362 |
| | 363 |
| 74 | 364 |
| | 365 |
| | 366 |
| 75 | 367 |
| | 368 |
| | 369 |
| 76 | 370 |
| | 371 |
| | 372 |
| 77 | 373 |
| | 374 |
| | 375 |
| 78 | 376 |
| | 377 |
| | 378 |
| 79 | 379 |
| | 380 |
| | 380 |
| | 381 |
| 80 | 382 |
| | 383 |
| | 384 |
| 81 | 385 |
| | 386 |
| | 387 |
| 82 | 388 |
| | 389 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| | 390 |
| 83 | 391 |
| | 392 |
| | 393 |
| 84 | 394 |
| | 395 |
| 85 | 396 |
| | 397 |
| | 398 |
| 86 | 399 |
| | 400 |
| | 401 |
| | 402 |
| 87 | 403 |
| | 404 |
| | 405 |
| | 406 |
| 88 | 407 |
| | 408 |
| | 409 |
| 89 | 410 |
| | 411 |
| | 412 |
| 90 | 413 |
| | 414 |
| | 415 |
| 91 | 416 |
| | 417 |
| | 418 |
| 92 | 419 |
| | 420 |
| | 421 |
| | 422 |
| 93 | 423 |
| | 424 |
| | 425 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| | 426 |
| 94 | 427 |
| | 428 |
| 95 | 429 |
| | 430 |
| | 431 |
| | 432 |
| 96 | 433 |
| | 434 |
| | 435 |
| 97 | 436 |
| | 437 |
| | 438 |
| 98 | 439 |
| | 440 |
| | 441 |
| 99 | 442 |
| | 443 |
| | 444 |
| 100 | 445 |
| | 446 |
| | 447 |
| 101 | 448 |
| | 449 |
| | 450 |
| 102 | 451 |
| | 452 |
| | 453 |
| 103 | 454 |
| | 455 |
| | 456 |
| 104 | 457 |
| | 458 |
| | 459 |
| | 460 |
| 105 | 461 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|---|--|
| | 462 |
| | 463 |
| 106 | 464 |
| | 465 |
| 107 | 466 |
| | 467 |
| | 468 |
| | 469 |
| 108 | 470 |
| | 471 |
| | 472 |
| 109 | 473 |
| | 474 |
| | 475 |
| 110 | 476 |
| | 477 |
| | 478 |
| 111 | 479 |
| | 480 |
| | 481 |
| 112 | 482 |
| | 483 |
| | 484 |
| | 485 |
| 113 | 486 |
| | 487 |
| | 488 |
| 114 | 489 |
| | 490 |
| | 491 |
| 115 | 492 |
| | 493 |
| | 494 |
| | 495 |
| 116 | 496 |
| | 497 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|---|--|
| | 498 |
| 117 | 499 |
| | 500 |
| | 501 |
| 118 | 502 |
| | 503 |
| | 504 |
| 119 | 505 |
| | 506 |
| | 507 |
| 120 | 508 |
| | 509 |
| | 510 |
| 121 | 511 |
| | 512 |
| | 513 |
| 122 | 514 |
| | 515 |
| | 516 |
| 123 | 517 |
| | 518 |
| | 519 |
| 124 | 520 |
| | 521 |
| | 522 |
| 125 | 523 |
| | 524 |
| | 525 |
| 126 | 526 |
| | 527 |
| | 528 |
| 531 | 561 |
| | 562 |
| | 563 |
| 532 | 564 |
| | 565 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|---|--|
| | 566 |
| 533 | 567 |
| | 568 |
| | 569 |
| 534 | 570 |
| | 571 |
| | 572 |
| 535 | 573 |
| | 574 |
| | 575 |
| 536 | 577 |
| | 578 |
| 537 | 579 |
| | 580 |
| | 581 |
| 538 | 582 |
| | 583 |
| | 584 |
| 539 | 585 |
| | 586 |
| | 587 |
| 540 | 588 |
| | 589 |
| | 590 |
| 541 | 591 |
| | 592 |
| | 593 |
| 542 | 594 |
| | 595 |
| | 596 |
| 543 | 597 |
| | 598 |
| | 599 |
| 544 | 600 |
| | 601 |
| | 602 |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|---|--|
| 545 | 603 |
| | 604 |
| | 605 |
| 546 | 606 |
| | 607 |
| | 608 |
| 547 | 609 |
| | 610 |
| | 611 |
| 548 | 612 |
| | 613 |
| | 614 |
| 549 | 615 |
| | 616 |
| | 617 |
| 550 | 618 |
| | 619 |
| | 620 |
| 551 | 621 |
| | 622 |
| | 623 |
| 552 | 624 |
| | 625 |
| 554 | 630 |
| | 631 |
| | 632 |
| 555 | 633 |
| | 634 |
| | 635 |

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1046 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5   tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgag atccttgctt 60
    caggcctctc gaggtccaga cagccgcccc gcccgctctg cgacgcagca gtgaatagtg 120
    tggtagctcc ttgtctcggt tcagggtccag acctccccgt cttccggctg ccctgaacgt 180
    caggcgacct caggaccctg tgattggcgc ctgcccgggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
    cctggaggga cttgggcatt cttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
    aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
10  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
    tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
    tggaagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
    tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
    acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15  aaggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
    ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
    gtgaccacga gactgacttt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctgactggc 840
    actcctgtcg gcagctcctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
    ttgactgtgc taatgagagt gtctggaag accctaactt gatgttggca catgagtatt 960
20  ggccttaaag tttaccaaag tttgctgcgt ttttgcgtgt gagcgggaag cccgggtggg 1020
    agagacttcc ttttgccgaa tgtgat                                     1046

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

    cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
    tattgaattt atccatcagt taaccacaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
    tccacgggta tctcgtataa cctcgaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
50  gcttaaaaat atgctttaaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
    cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct 300
    agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
    tgtaaatagt atc                                     373

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatctttggt ggctgtggtc ggggtgttgc tggtgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcactgtgc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtgggtggag cccatgccag 300
tgcctggcca tgacgtggag gcctactgcc tgcgtgcga gtgcaggta caggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaagggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg ccctgttgc 420
ctacatggcc ttctgatgc tggtagacc tctgatccga aagccgatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaatgagga tgctcgtct atggcagcag ctgctgcac 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaaggtgccc agcagcggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcgaagac agtcttcgat cggcacaaga tgctcagta 660
35 gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
caaagcaggg ggctacttct ccttccctc ggtccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttctt ccttctcctt aacttttaga atgttgtact tggctatatt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgatc tccgttgtct tcttgggtct ttggggttga agggaggggg 900
aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtggg tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcatt 1080
cagcatgtgt tcctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc 1140
tcagccccag ccccgactcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
agccactggg gtcttcaggg tgcaactgaa gctggtgttc gctgtcccct gtgacttct 1260
45 cgcactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgtgccg gtcccctcac ctgacttga 1320
ggggtctggg cagtccctcc tctcccagc gtccacagtc actgagccag acggtcggtt 1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagccccgtg acttgggtt 1440
cctcttctcc ctgaacttcg ttgtaccagt gcattggagag aaaattttgt cctcttct 1500
tagagttgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa 1560
50 aaaaaaaaaa a 1571
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat ggggtgact gatgttgag aagtccttgt tcctttgttg gatggttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatoc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
tgtttgca ga ctctaatgaa aatgagactg tctttgctcc tgtcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat ctccattct tccttgccaa 360
ctgctgaagc accagggaag ctcaaaaaa gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaaaaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
tggtcaccg gctgctctgt gacactcttc ctctttccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
tcgtggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatataa caatttccag 600
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaa gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
ggctttgatg ctattatgag ggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgaccg tggagttaa gcacgatgac aaactcagt aagacagtgg agccttaatc 840
cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaaat gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaagtc agcttttaaa gcagttctcc accagccttt gaaggtcattc 1020
cgggaaattc tagttaatca gactgcccac atgttgccat gttaccggaa gaattgtgca 1080
agtcttctg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac 1140
atgaattgct tgttgaaaa ctgtgtacta ctcagcagac cagagatctc aactgatga 1200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc 1260
taccacaac ttctgccat acacacgta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc 1320
gttcgttgc ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatggtcta 1380
cacatgttcc tgtggttgg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaatt 1440
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgccatgaagt gggaaaccca 1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg 1560
aagctcaca ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggt 1620
gaagacaaag gactttacgg aggtcttct tatgtggatt tcctttgttg tgttcacaag 1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccgg caatggaggt tgcgttgcca 1740
50 gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```
20  gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggt actgcagccg aggggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccgggg aagtcaccca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttc tccagtcttc tgagcggacg 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcac gacagggacc ctacagtctt 240
    cgccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttgat cccaggggtg tccacgggtc 300
    cagcctctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gcctgcagct 360
25  tcgagaggag ttggatcgat ctcttctgtg aaacgtcctc ttcaatggtt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
    aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cacgatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
    gcgggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg cctataccca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaaagc ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
    ccgcttgac tggtccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggc 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatgggct 840
    ctgcaggcgg aaggcggtgg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
    gccttgttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacaggcg catcgggggt 960
35  tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac 1020
    gcggcaggct ccttctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg 1080
    cagaagtccc ccttgcgcat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac 1140
    ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca ccccaagac cagtgcagtc 1200
    gggaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag 1260
40  caccgggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttcacga ccttactgt gcaccgcagc 1320
    cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac 1380
    cacgtgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcggcatga tttccacca gcccggtcc 1440
    accccactcg cttcctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtgc 1500
    agtgcgtgga atgacattgg cccctacggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag 1560
45  aaggtggtgc ccagtccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg 1620
    tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcag 1680
    ggctcccggc ggctcggtc tcggccccgg cgctacctgc tactggcca ggccaacggc 1740
    agcttgccca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc ccctcaggt 1800
    ggctgacgg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc cccgcggct 1860
50  ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agccctcac ccgcctctc cctcaccagc 1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagcccccg 1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg 2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtct 2100
    ggcactcccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag 2160
55  ctgcatgat gccttgggat gccctggtcc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg 2220
    tgggaacccc gggttcaggg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc 2280
    cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaa tcacctccc caataaagtc ctactgcca 2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaccc g                                     2361
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25 ggctgcggat ttgcgcggaa atcccggaa tgacagcttt ggggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aagggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttggaca aatctgcaga aaaggctctt 300
gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cgggcgcgtt tcatctgccc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gaggagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
35 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600
aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagc gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840
40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccaaa agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgcaa gcgctccaag gaggagtctg 960
cccactgggt caccacacag tctactgct tctgaagccc gcactgccac cgctcctgcc 1020
ccagaagggt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgtgctg 1080
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctggtgtg 1140
45 gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg 1200
cccagagtca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggc cctttccatg gccaggaagc 1260
cctgtgggct gcacttttta tgcttgacgt aacaagagac tccagagtcc tcaccggtgc 1320
agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaa 1380
gtaggccaa gtaaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag 1440
50 aagcttcgaa gggcctcgct cctctgctac agccctggga ggagccagga tccttggtgg 1500
tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccattcctac atttcgaaga tagcagagtc 1560
atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa 1620
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1638

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1034 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cgccctgcgcg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
gcatatcacg gccatggggg ctcagcattc cgctgctgct cgccctcct cctgcaggcg 120
aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttggtg gctttgatcc cacacagtga 300
tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
cctggcatct ggtttggtgg ttttcttctt gtttccgcat tcagtccttg tggatgatga 420
cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tccctgttaa ttctcaccat 480
catggccacc ctgaaaatca ggaactocaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
cagccagatt cagtacatga acacagtggt gaattttacc ggggaaggccg agatgggagg 600
accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctggtgc acaacatagt 660
gatcttcacg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcattgacc agagctcctt 720
ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
ggttcttcca cacagcgctt gtagaagaga gcacagcata tgttcccaag gcctgagttc 840
tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agagggaagg aattggttca ctttaacttc 900
ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttccctat gggttaccat 960
ttgttggttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
gtttgggcat tgca 1034

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 947 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa ccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggac caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggaccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
20 ttacaaggg attgagtttg tagctgcccc gctcaagtcc atgggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgaccc gccgcccga cctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagt660
25 cagccacagc tccccggcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
ttggggactc ggctcagcg tcaccctgag attccccccg agacacagtg cgctagtacg780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtgcccct ggcttgccca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
30 ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tggttcgttt agagaggcca tttagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catecccttt cttagtccaa actgccccaa360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaataatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
10 aaacctcttt aaaacaa 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 269 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
30 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgact 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctccctgaga ggggttcttc ctgcatcttg agaataattt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtgccc atcggatgcc ccaaataggt cctgtcccct180
40 cggatgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1717 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
15 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
   ttcattgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatgttat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggctcctc ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcaggaacct 300
   gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acaccgtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540
   actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
   tcactgacct ccgattcct gaggttgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcatc ccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttctcac 720
   agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcagggtcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggtc gcttgcccgcl020
   tctgctcagt ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggttg catttctctg cctgagcaga1140
   gagtcaccat ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct1200
   gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc tttaccagca1380
   agaagtcaact ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg1440
   actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggcactgc1500
   ctgcctcacc tgccctctca ccttgcatag cacttttgca agcctgcggc gatttgggtg1560
40 ccagcatcct gcaacacca ctgctgaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg1620
   aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1419 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```
ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaagtt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tgcagtgttc tctctgcatg 480
20 aggttgtttt ttgagccagt aacaaccctc tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctgttggaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttgtttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
25 tctccatgta tttgagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcagtgtgtg tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttgat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattga cctgcatggt gttggtggct tcttgagtt ctccctgtag acccacgata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5
agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaaacctg aacccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggcttgggcc atcggcttcc ctgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttcc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

aagtgttctc agatgctgat gtttgaagg tcccgtggg gccatgagga agaagaggag 60
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
45 ctcaagcctg taaagaatac ccctgctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaattcag gggctagtgt ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaagggt gaattctcat ttcatc aaaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatattc agcccctgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 345 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
5 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
20
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaaa tagattatga 60
acagtgaat tcctgagaag gctgaaagt cgagggaacca aagcagggga gattagcctt120
25 agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgttttt acgtgtaata180
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300
aagggtgttc agattaattt tgaagtcct tacggaacca gtccc 345

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1060 Basenpaare
35 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
45
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
5  ggcggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgccca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgcttc cccgcaaagg actatacatg gcaaatgact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagatto ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgcc tgcgtttcct caccgccgtg aacttggagc 420
10  atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgctctg tcaaggaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctgt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gcccatcacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccgat ggagctgctg gcgcacctgc 720
15  tgggagagaa gtggatgggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc ttcccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccgaattc tgctttccca 1020
20  caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```
45  ctctctctct ttctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctccctc tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaaact tgttggaact gcctattttt tggctttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaaggc ctgcggtcgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
10  atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccgc caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttccaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggcggggtcc 540
15  ctgctcccgg cgttcccggg gctcctgggt tctctctcgg cagcttttagc gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgccacc cacaactcact ccatgctccc 660
```

ggaaatcgag aggaagatcc attagtctct tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaacccaccc cattttttaa 900
5 ttttattatt attaatTTTT tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctggggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaata aggaaggcga1020
ggagaggaga agggcagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgggt1080
gaataattca cgctcacgtc gttcttccac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac1140
atcttcctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggtt tgtgtttgga ggataggagg1200
10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg1260
ctgctatggg cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcaccc gtccaagtct1320
actgccttta ttttccctcc tccctcttgt tttagctgtt acacacacag taatacctga1380
atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaatg ttaatctaaa atatagctaa1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag1560
tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgtcggtt gtttcctacc ccaacctgct1620
ttcttgacct agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

accctgtggt cccgggttcc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttgggaatt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcc acaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgctca aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
ttctgggtgg caccgtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggcttgtga 600
gtgatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcatgtcta tggggatcaa tacagagcaa 660
55 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
cccaaaaggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtgggtgt gccatgggga 780
tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840


```

5   ctaaggggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
    gtttttaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
    aaaagatctg gtatgagcat aggcctcatcg acgacatggg ggcccaagct atgaaatcag1020
    agggaggctt catctggggc tgtaaaaact atgatgggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
10  cccaagggtta tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaga1140
    cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taacccgtca ctaccgcatg taccagaaag1200
    gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggtagccc1260
    acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
    tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
15  gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg1440
    gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
    aggataattg tcttttggtg actaggtcta cagggtttaca tttttctgtg ttacactcaa1560
    ggataaagc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
    gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaagggac1680
20  ttttttaca tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcggtt agtactcatt1740
    tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaaatc aagattgctc1800
    aaaagggtta atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
    tgcttcccc tctgttccat gacctggggc acagggaagt tctggtgtca tagatatccc1920
    gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcatatgac tggaacgaag tatgagtgc1980
25  actcaaagt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
    tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttgaatc cgaataaat actacctgga2100
    ggtttgtcct ctccattttt ctctttctcc tcctggcctg gcctgaatat tatactactc2160
    taaatagcat atttcacca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
    ggctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
    ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 45 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

    cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccgaaa gtgacccagt caggtttaaa 60
    aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
    tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccgccc aggagagacg 180
55  gttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttcac ttcagtgaag 240
    ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
    tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacggttt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
5 ctggacagca gggttqcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttggttta tgtggcaact ctgaaggata attttggatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgagc tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac acactcagt aatggcatta ctgaggaagc tgatccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggga 1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
tgggccaana tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg 1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct 1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gagggtgagt 1260
tctcagtgat tctaagagt tcaggcgac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg 1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 25 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 35 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
45 gctgtcagtg tgtctcctga tggctcgtc ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct 120
tgtctgcca gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgctgcggt 180
aaacctcaa gttgccaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt 240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatttgaa aaagtcctgg 300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca 360
50 aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20 gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gtccagatag aagggtgaaac cctggctctt caggttcaag120
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaatagg180
gcattcgctg ggcagatgct gtgggtgatcg tttctccat cactgactac aagagctatg240
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gggcctttgc cgccttggc ggccggtct acgttccctg ttctcgctg cagctccgcc 60
atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
agcgcgaatc tctcggccaa gtctcccgcg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgctgtt 240
5 ttgtatagtg tgatgaccct agtaagcaca tatttggttag cctttgcata caagaatgtg 300
aaatttgttc tcaagcacaa agtagcacag aagaggagg atgctgttcc caaagaagtg 360
actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
atcttgtgga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
aacaacactc tgttcctggg cgtggtcatt gttgcttcc tcttcattat gaagaacttc 540
10 aacccccacag tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgccctcctg 600
tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctcg gctttgtgtc tatgggtggc 660
ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggg cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
15 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaa aggagaaaa aacttgtttc 900
cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga 1020
accgtaata tcagaatgaa tcctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca 1080
agtgtttgaa tttgtgatct gaaataaac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc 1140
20 caactagagg aagagaaact tgtggaaaag ttcttttttt ttctgttttt tttcttaaag 1200
aagggcagcc aaggtagtaa ctaaaaaata gtgccagggc atatgagagt tgcctacga 1260
ggttaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gagtggccag ggaggccaac 1320
ttgacctgc catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgacca 1380
gggtctcaca cctgggagga atgttaagta agagaaagaa cctctttcct gaattattga 1440
25 atgtaaaaga ccaaagtaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat 1500
ttacagtgat ttagtgctt gtcagcatt ttccatgagg actttcatac atttgactct 1560
ttagttcaca ggttcccatt gattgtgagc aagatattta tctctttagc ccttggggat 1620
ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt 1680
gtatgccatg acttgaaaaa gtttgggaag ctcttttagc atatcagcta aaaggatat 1740
30 aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac ccaaaaggaa 1800
atatagcct aatctttact atccactctt aaatttaatg tgaatttcat acatgttatt 1860
agttgttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat 1920
gctatcggat gtgttgggct ccatgcaaga acttgggaaga aaaacaggca ggaatgcatt 1980
tgcataatga ccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgcttct 2040
35 agaagtctgc aattctttac tttcttttg tgcaattatta tctaggtgcc atcactggat 2100
aatgtggagt gactagagaa gtcacatac actgtaaggt acagttaggg taacacttta 2160
gaggtttatt attttataaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg 2220
ctctactaaa aataccaaaa ttagccagggc gtgatggtgg gtgcctgtaa tctcagctac 2280
ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagagggtgc agtgagtcca 2340
40 gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa 2400
aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg 2460
gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc 2520
cactattggg gaccgaggtg gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg 2580
gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2019 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10

ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attcttaaac agaagcaaag atttgaggaa 60
aagagggtca aattggacca ctgagttagt agcaccaatg gccacagggtg gcagatatatt 120
caagattggg tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
15 attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggagaagaa gagtggctta 360
tactctcctg tcagtggaga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtatgatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
acaaagaaac agccttggtg taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
20 catthttgaag acttgagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctgagatgac 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtag gaccttttag cacattgtca tatgctagtg atctctataa tggttccagt 720
atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcattccagg atgcagtggg tattcattac 840
25 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcaactgta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaagggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat1020
ttgatggatc cttaaactctt ggcttcagggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140
30 ttcagccctt ctccagata ccatttggct ttcggctgtg cagatcactg tgtccactac1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atgttattca aaggacaccg taaagcagtc1260
tcttgatcaa agtttgtgag tggtagggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttctt tcaaggggtc tatcaatgaal380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataac1440
35 tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tgttagtgtc1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620
ggtagaatta aggtgctaga attggtatga aggttaact caagtcaaat tgtacttgat1680
cctgtcgaaa tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740
40 ctctcccaa agtcacatg gggtttggat ttgttttgaa tatttttttc tttttttctt1800
ttccctcctt tatgaccttt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tggtatctaa tttttgtgat agggaaacaa1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagtt tattgagcca caaaaaaaa1980
45 aaaaaaaaaa aaaaaagaaa agaaggggag agggaaagg 2019

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
50 (A) LÄNGE: 1866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
15  gtgggtgctg  tgacaggcac  tatttgaagt  gctttatcat  ggattaactc  ttaatcctca  60
    gctaccgtat  aaagtaggac  ataaccccat  ttcacatgca  ctacactgag  acttgccctc  120
    tctcccccca  cattgaagat  gttctttttt  cataactata  tactattcca  ttgcatgaat  180
    attctgtaat  ttatttaatc  ccctatggat  tgataattag  gttcattata  gatagaagtg  240
    taattaacat  tcctgtacat  gtattttgct  acttggtgtg  gtatttctgt  aggatgaata  300
    actagaaatt  tattggatca  ggtttcacat  ttgcagtttt  gaaaactact  accaaaaaga  360
20  tttcaccaat  ttacaactcc  atcattagta  agaatgcctg  tttgcctata  gtctgccaac  420
    cctgaatcct  taaaaatttt  tgccaatctg  gtaggcaaaa  tttctttctt  ttctttgaat  480
    attaatgagg  aggaacatct  tttcatgttt  cttggccatt  tgcatttcct  attatgaatt  540
    gcttttgccc  attttccttt  ttttaattat  gaaagtctaa  tgactacctt  ctcatgtgat  600
    aaaaaacaca  gttctttgaa  tagagagacc  cttttctcca  atgctaccaa  tcacattcca  660
25  cttaccacag  tttaacatac  atcctctagt  cacccttccg  tacgaatata  catacacata  720
    aaaacacttt  ttacataaat  aggatctcat  attctgtagc  tttttaaaat  tttggtctca  780
    aaaaaagata  acaggtcttt  aaattttctt  aatggttgaa  tatgattaaa  tactatgaaa  840
    atgccattat  ttattccctt  aatttttttc  ctctcgctat  tacattgcca  aagtaaacad  900
    cctattcaga  tgtctttgtg  catgtgtgtg  aatatttctt  tagtctggag  tccagtaagg  960
30  tggatttttg  gatcaaaggg  tttgttctct  gtccaccttc  agtcttccca  aaggccttca  1020
    taactgtatt  ttcaccaagt  gtatggagaa  tgttcatttc  cccatataac  catacctaca  1080
    cttgatagtt  tttatctgtt  gggcgaaaaa  gaaccttttc  ttattttgca  tttccctgat  1140
    tataaaaaaa  aatggtgaga  ttgggggtat  tttcatgttt  attggccatt  tatagtttac  1200
    tgtggattgt  ttgtatccct  tacctgcttt  ctattgggtt  atgtgtggat  atattgtttt  1260
35  tatttgttca  gcattctctt  ccccatcttc  tggtaacaca  acctttattt  atttggtggg  1320
    aacctattcc  ctgtggctta  ggtgagcatg  tgaccaggcc  tggcctcctg  agtcccacag  1380
    cttcctagcc  acagtgataa  aagaatgggt  atataactta  agccaggcta  aggaaagccc  1440
    ttaacagaac  ttctgctgga  actactggaa  agaaggcttt  atggagatcc  caggaaccaal  1500
    ggaccatgta  agcctgaatt  tgtgccatgt  ggagagagtc  tgtctgagga  gaaactcgga  1560
40  tgctagcaga  aatggaaaga  gaactaagtt  ctgatgtcat  ttttctggag  gccctaagatc  1620
    cagctgtgcc  taaagcctgc  cctacctccg  gactttaaag  ttttgtgagc  caataaagtc  1680
    cctttcttgt  ttaagataat  tgaattgagt  ttctgttctg  attaatatag  gttatttgta  1740
    ttttcttatt  gatttgtaga  aaacctttgt  aattttaaat  tctagacttt  atgcactata  1800
    taagttaata  aaattagcat  ggccttccat  gaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  aaaaaaaaaa  1860
45  aaaaaa  1866
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1189 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
15 ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtctggg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
ccccgctcct ctccccagc aggtctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca gggtctagaa caaagtatcc tcaggcctga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaatc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccttgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctaggttaag gaaggagata aatgaggaag aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaagt acagttctgt 1080
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggctcag gagtataaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaagtg ctaatcacia gttggaggt 1189
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

5 gagctcgag ctccgccgc gcctggctcc agcgcccgcg gcgcgcgctc cccggcccaa 60
ccatggcgctc ctccgcggcc ggctgcgttg tgatcgttgg cagtggagtc attgggagaa 120
gtgggcatg ctgtttgcca gtggaggctt ccagggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
gcagataagg aacgcccttg aaaacatcag aaaggagatg aagttgcttg agcaggcagg 240
ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcatcagtg gttgtcccaa 300
10 tatccaagaa gcagtagagg gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360
actgaagaag aagatttttg ctcatgtaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
cagttccact tcttgtctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttggctc atgtgaagca 480
atgcatcggtg gctcatcctg tgaatccgca atactacatc ccgctgggtg agctgggtcc 540
ccaccggag acggccccca cgacagtga cagaaccac gccctgatga agaagattgg 600
15 acagtgcctc atgcgagtc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
tgcaatcatc agcgaggcct ggccggctagt ggaggaagga atcgtgtctc ctagtgcct 720
ggaccttgct atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcatggac ccctggaaac 780
catgcatttc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840
acatgtccta cagacttttg gaccatttcc agagttttcc agggccactg ctgagaagg 900
20 taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccggag cacttagctg ccaggaggca 960
gtggaggagc gagtgcctca tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agcccagtg 1020
aatttcttgt aatgcagctt cactcctct cattggaggc cctatttggg aactgcaa1080
gcccttaac agccctctgt gacataggtg gcagcccac gagatcctaa gctggctgtc1140
ttgtgtgag cctgagtggt gtggtgcagg ccggtagtct gcccgctact ttggatcata1200
25 gccctgggcc tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tcctgccacc1260
tgggcagata acctggagat tttcaccttt tctttttcag cttgattgca tttgagtatg1320
atgtgacagc cagtgattgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttttgaatt1380
attttgttaa tccctttctg agtaatctgg gggtcctt 1418

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

55 gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60
gtctgcgagc ggccccctgc cggctcccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccagagc120


```

cccagccggg ctgccgccc cgtcccggaa gctccagcct gaaccatggt tttcacttgt180
ggcccaaatg aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggaggggcgtg tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgaccctca atgtcaagag tgaagggtt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ctttttcccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgctgcaga480
gaagttcctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcaacttgc tctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc ttctctaccc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggctgag attgcccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttgtggga ggttgggt taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 3039 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcataataa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccacccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttggg aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcacccagc 360
45 ccagggtgact ggtaccact cgagttgtgc cgtgcaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tggtagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtgtt 540
aaataattat gaaaaatggt ctgttcataa ttggtagggt ctttttgtga gcaggagca 600
taattattgg tttattatgg taattattgg gatattttaa atatcatgta atgttataaa 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaattaa aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttggt atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
55 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaatga1020
gatatcatgt tttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggcta1080
catttgagg ataccaggg agtcttgggt gttccttacc tggggaagca aacatttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcacct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaaag caaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aaggggagaaa aatctcaacc aaagttatgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcacia ctcatctctc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgctttga aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgtcctaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagtccttc ttctggaatc tgttaaattt cacaaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgtc2100
ctgtgagatg ttcactcagt ttttatagaa atgggtgttg tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaactta caatgcactt tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccacgc attgcccaaa ctattttgac accaggacct ttttctcctt tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaaccggtt atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcgttg aatagatgtg tatctctctc cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtaggtgat cggagctctt tcctttgata gagagaacag cccaatgat2520
cctggctttt tcactgaacg tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacgtt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcgtt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgttttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagtttaat2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaaacta ttgcctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tctgtaaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gatthttgtga gcaaaaata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgtatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

taccaatctg aagggggaag cggcgccgcc atcgccctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaagggca 120
agccattgat cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
5 tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag ggcgcctggc cccgctgctg agccacggcc 240
aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
atgccaatgc ctccctgggtg tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggaagagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtcttggcgc tccgagggta tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtca atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcggtac catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctgggccc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagagctgg 780
15 aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcatccc gcctgatggg gactttgagc tcatgtcata ccgctcagc acccagggtca 900
agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tggtcaaggc caaggggcag tttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg1020
tgcctgtacc cagcgatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt1080
20 atgtgccgga gaaaaacgtc gtgatttga gtattaagtc tttcccgggg ggcaaggagt1140
acttgatgcg agcccacttt ggccctccca gtgtggaaaa ggaagagggtg gagggccggc1200
cccccatcgg ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctgggac caggtccgat1260
acatgaagat cattgagaaa agtgggtacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc1320
accagagtg ggcgattacc aactttcggt accagctagg aaggggagaa gagatggggg1380
25 ggttttaaca cggggtttgc ttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg1440
tgcgggtt 1448

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1394 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
55 atgcctgtgg caggcccatt agtgcacctc tctactcctc gagcagaccc ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacct catgattgcg 300

```

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcgycattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaca atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagaggt ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
5 atoctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt ctagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780
acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840
10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgccc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020
ttatgatcgc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaagg gctcaggcca acagacacac tcctttagtc gagtttgagg1140
15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca ctttcatat tggagaatca1320
tgcatgtggg tcactaatta tctcaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt1380
attggaagcc aaaa 1394

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

gccgacaaga tgttcttgct gcctcttccg gctgcggggc gagtagtctg ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcgggag ccggagctct tccaccgcag acatgacgaa gggcctgtt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatatt tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcatac aggacttccc cagcgtgggt300
50 ctagttggcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaca tcagagctgc tgttcagcg gggtcaggc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcgggtgct480
ggtctctatg aatacgtatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa600
55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcg120
 gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggag gacctcctgg180
 ctcgggcccg cactggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240
 30 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtag tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300
 ttctaccacaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360
 gtgctcggga tgtccgagt gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtgtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480
 tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttggtggtg gacgaagctg540
 35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggtcacttt600
 gcccccgat ttaacaagg cttttctcat gtcagctact ttaacgagg acgtacaagc660
 actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal20
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240
15 caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttaccaagg cgtttggtc agaggggtac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaacca cttttcttct ttgtgtgtc420
tttttatgtg gaaactgcta gaaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

20

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 322 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctotagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
ccccatttt tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcaccttca aacagcctgt120
gagcctaaat tttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggal180
aaagtccctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccag tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc ccttcttgcc gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
50 aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
5 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```
gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagaccta 120
25 caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgccacactt aaagtcttca 180
gcccagctac ttccctattt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctgggt 240
gtgtttggcg ggaggggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagcttgctc accttcagag cagagggaat 420
30 acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctcatataa 660
atggaagaaa agttttgatt tcttttttgg tttgatgggc agtatgcat attataccca 720
35 aagtctcttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttatth aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccaggg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaadc ctgatgggta ctgtgtgtaa 900
aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactgggtct gttattttta1020
40 aaatgaataa ttgatttctt gatagggtgt taatatthct tccctcactg ctgattctta1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaacccttat caacaagtgt1140
acaatactta tctaaaacta tacattttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200
ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttggttaa1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttggatta tgaaccccca tttatgattt1320
45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgaatt aataactgag1440
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559
```

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
55 (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
20  cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtcccccagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcac 240
    tttcagggct ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgccgca tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
25  gtgcgcagta agggcccca gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acaggtgaca cagcccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccat ccctcaagag gaagggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtcg 600
    cactcggcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcggctccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
    tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcacggat tttaacagac atcctggaag ttcggcagaa gccatcctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgag agccccgcc gggccagcc ctgggagtcg 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg ggtctgcga tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgcagccagg cgaggccact cgactgccg ggcggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgctgcttc cgccctgtgc cc 1072
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gtgctgcatg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
aggaccgcc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120
10 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180
tgccattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240
tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgtgaagt ccccttcac ctttcaattg300
gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gccctacatc gtgcgccagt gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcattctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgctcgag ccctaaccag gggatatctc gagcctgggt ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcacttcaaa gtgggttaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180
45 tttgcaccat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
aattgtaggg cctcaacctg tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggatcatgc tgcattctgaa gacaggcttg ggggggccat360
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgtccaat gtgattttct acattgttac420
tctcaacaat acagcagacc atctccgggt ctgggtcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgacctaa acttttgaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tgggggtgat gatgttattt gtggcagggtg660
ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggcgggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```
25  ccggcctgcg gtgggcagca gctcaggttc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60
    cggccacacc tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120
    gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcggagg180
    aaatggacat aaacccgggt gtgaaaagcc agggaaatgaa gcccgcggga gcgggaaatc240
    tgggattcag ggcttcagag gacaggaggt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
30  gggcaatcgc ctcttgag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
    cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
    gatgtttaac tttgacactt tctggaagaa ttttaaatcc aagctgggtt tcatcaactg480
    ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540
    ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tcctttcctc aactggaaag caattattga600
35  ggggtgaggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
    acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720
    agggggggag tctcaccttc ttctcggct tcccgggtgc aacctgggcc tgcttgagct780
    tgggtgaagt tttggtaagg caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
    actgggttcg tcaagggaag ctcttcccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900
40  ctgggcccgg gttg                                     914
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgcacct gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgcttgatag agcagcccgg aggcaccact 120
15 tgcttccccga gtctcacccct cccaggcagc tctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccctccttgg cttagggagc 240
gccatgacga tgaatttgg ttggtggaag ctgactttcc tccgaaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat cctgacacc tatgccaaa cagagggaga tgcagaacct 360
ccgaggcctg acgtggagg cccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctct ttgatgatca cgaggaagga 540
cggatcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgcgccac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccaccctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggaggtggg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caaggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctccaaacac 1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgccctc aggtgcggag gggacagag accctggcac 1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttctgtttt 1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaa gggaagctac acgggccaaa 1260
tcgggggagt ggggtgggaa ttttctctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320
35 atacagctc cagagatgag tctggagcc ttgaattttg ttaacaaaa taattgtagg 1380
tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc 1440
atttattgag atgactgtt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct 1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaaggtgt gacaatgtag 1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaa cctagcctta gtatgggat ggggcaagca 1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
10 ccggcctccc ctcgtctga ggctcggggg cccagctcc gcgtaaaactg cacgatttcg 60
ccctctgtc agctccctc tgccctct ttccaagaga gactccaga tcccacattt120
tcttgactga tttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
atcatgccga cagtgggtgg aatggatgta tccctttcca tgaccgacc tgtgtctatt240
gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagcca tggtttaacg atgcttggtt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt ttcca 355
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2628 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

```
40 ggggtgcgct gctttcgccc tctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
cattcccgtt gttgcgttgc gtttccttcc tctttcactc cgcgctcacg gcggcgccca 180
aagcggcggc gacggcggcg cgagaacgac ccggcgccca gttctcttcc tctcgcgac 240
45 ctgccctgct cggtcagtca gtcggcgccc ggcgcccggc ttgtgtcag acctcgcgct 300
tgcgcgccc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgcgag 420
agtccgaggg gtggccgggg caggtggtgg cgccgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480
ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggaacg tcgccaagac 540
50 ttcgagaaat gccccgaag agaaggcgtc tgtaggacct tggttattgg ctctcttcat 600
ttttgttgc tgtgttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
aagtgcactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcttctctg 720
atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
tatcatgctt catgtgtcat tccaagggtt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840
```

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggacctact tattcagtca attaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaaccca1020
aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tatatagcta1080
5  ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tctaataaag tgcttataaa tggaacaact acacagccta gttttgccac aaccttttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaatatataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagtgagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgttttc tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttcaactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaaggtttg tttatgttac1440
atztatttca ccagaactat tttaatatat caaaggggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaatagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagttat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcatc tggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtctttagt ctcccttttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg caggtttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctattt gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttgtgt ttgctttggt aattgcctca1980
20 ggatatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaacatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tggttaagga ctttcaggaa cttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgtttc cttttttgaa acaagtgtct tggttaacta attctgtttt2280
25 atggttgtgc taaattcata gcagggtgct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttggcttta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaaa tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaag tgcagtttat2520
attcagggtg gattatgcat gtttaggtta acgaaagctg tgtcttactt gattttattct2580
30 ttaaaaaata agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43
- 55 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcctacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgctg ggcgtcccca ccatgcgtga gagctcccc 120

```

aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gaccctcctt 180
cactttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtgggcca ttgggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctctgtttgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttcttg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5 ttectgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctgggtggtg 420
gccctggggc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaag aggagtggta acagtcacag 480
atccctacct gcctgggtaa gaccctgggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
aaaactgcca gcttttatgt atcctcttcc ctccccctcc cttggtaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatgg ctcagtctgc tctggagcca 660
10 cagtctggcg tctgaccctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtctattt tttgagtttt 780
tttgtggggg tacaggaggg ggcttcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
cattcaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt tttagcgaaa ctactaaatt 900
atthttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctggtttaa aatcacacca 960
15 gtggctttga tgttgtttct gccccgcat gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaagatgac agtattaaag ggggtgtaga agctgctgtt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacaccctgg 1140
gagttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggct 1200
tggggtgctg tggcctccaa gctggcagtg ggaagggtc gtgagaccac acaggggtag 1260
20 cccagcagc agcaccctgc aagcagctgc ggcagctgc tcagaccagc ttgagaccac 1320
gcagcgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctccagc actggagacc cacggactca 1380
accagttac ctcacatggg gcctttctg agcaaggtct cgaagcgca ggccgacctg 1440
gctgagcagc accgcccctt cccagctgca ctgcctctgt ggacagcccc gacacaccac 1500
tttctgagg ctgtcgctca ctcagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt 1560
25 cctttttaca atttgtgatg ccttaccgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct 1620
aacactgcct tatactgtgt ttctctttt gggggagctt aactgctgt tgcctcctgt 1680
cgtctgcacc atagtaaatg ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacct 1740
tctggggaca ggctggctca gcctgtctcc agggctgctg cggccagcc cagacctgc 1800
ctccctcttg gcctctcatc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgct 1860
30 ataagtgtt ttggaagtca cctaccttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt 1920
gcaaatatcc ccttggtagc ctacttctt acccccgaat attggttaaga tcgagcaatg 1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg 2040
gcttgtctca gtgtttcaac ctcaccaggg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt 2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttgccaa gtcacggtt ctctgtggtc 2160
35 aaggttggtt gctgattgg tggaaagtag ggtggaccaa aggaggccac gtgagactc 2220
agcaccagtt ctgcaccagc agcgctccg tcctagtggg tgttctgtt tctcctggcc 2280
ctgggtgggc tagggcctga ttcggaaga tgcctttgca gggaggggag gataagtggt 2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagattt tttgctttat gtgggaaaca 2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat 2460
40 ttttggaac acatcaaat aaataatggc gtttgttgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520
aaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
10  ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
    cacgatgggg aagcaggctg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
    cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
    ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggg aggcgcgaag240
    gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
    cctggtccct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
    tttggtctcg tgcacctgac tgctcacagc tctcttgtct gcccttgctc cttgggtggg420
    15  agcctggggc tgcgaccga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
    ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat540
    cgctctgtgt cctctccagt ttccatggtt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
    aaaaagggtg tgacagcagg agcaatcatc cctttccctt tggctccagg ccagtccctt660
    cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc acccatgga cccactgtg tgcatgtggg720
    20  gagccttctg gaacacgttg ctttggccag tcagtgtgtc tgagggggta tagacagagc780
    atgccacaca agccacagac ttaat                                     805
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
50  cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggcta tgccgctggt gctctgctcg tcctgttgct 60
    cctggggccc ggcggtggt gccttgacga acccccacgc gacagcctgc gggagggaact 120
    tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
    ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
    gcagctgatc tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
    gaggaccoga tactgggggc cacccttccct gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
    ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
    ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcactcccac 480
    55  tgccctcctc aaaccctgg gtctggccaa tgacactgac cactacttcc tgcgctatgc 540
```

5 tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600
ctgtagtcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtgc atatccgccc tgtttgaga aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780
aaagaaagac tggctccctct tccggatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccacccccga ccaactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
ccagctcaag tggaagagac ccccagagaa tgaggccccc ccagtgcctt tcttgcattgc1080
10 ccagcgggtac gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtacaal140
caccacacca taccgggcct tcccgggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgcg1200
gctgttacat ccactaccag cctgcccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc1260
tgattcagct gccggccaa 1279

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1923 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

40 gcgcaagaca caggaggccc aggcggcgag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggagc gcggaaagtg 120
atggctgtcg tcccggcgtc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aagggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcggtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc cttggttgag 360
45 aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tggttggtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600
cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
50 ttttttaaac ttctgcagat ttcactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcagg 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaagacct aaaacctttc 780
attttattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgtatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttctgtgtg tctctgaaac tggctactga ggttcatttt 960
55 tatgaaaaaa caattccatg gtttgtttct gataactacta tacatgattt taattgggtta1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa1080
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat1140

gagtactgtg caatgcctca ggttgcaact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
 ttaattttat tcaaggggtga tttgaattac aggaagttga caggtgacag aaaatgggag1260
 ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320
 agaacattaa aagctgaaat tcaggttggg ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
 5 gcctctgagc ccagctgggtg gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440
 ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcac1500
 ccagaaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaaagc1560
 tagcttcttg gtgcccactc acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccc1620
 ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatattgg1680
 10 agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgtt tttaaatgga1740
 ccttaatttt gaagtgggtg gggccaaaaa ataaagggag ggctcctttg aggtaggtac1800
 ccttggcctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
 tccttggtt ggccatgaaa atccttgga cggccttatg cccttttgaa aaggggggtt1920
 ttt 1923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

40 cattttacga caggcgggat tgttttgttg ctgtcagctt tctccgtggg ctgagtttgt 60
 ggctgcattt ttatctcttg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcgg120
 aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgcctgactat aggagatgtt attaaacaac180
 tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taagggtgaaa accaagacag240
 45 ctgccaaata tggcctttct gccagcccc gcctgggtgga tatcattgct gccgtccctc300
 ctacgtatcg caaggtcttg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360
 ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag420
 gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccag480
 cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggacccttt540
 50 ctttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttataa caagttgggt tcgtagtgtg600
 gggttaaagt ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
 ttacagagtt atttttattt cggaagttta cgtgatgggt tttccg 706

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60
tggctctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gcccaactct ggagcccagg120
atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cttttctgcc300
cagccccgcc tgggtggatat cattgcttgc cgtccctcct cagtatcgca aggtcttgat360
gcccaggta aaggcgaaac ccatacagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420
gtgcaaacc cacagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagc cttacactgg gctatgagcc540
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600
accggattag gaacagtta aaacaagttg gggttcgtagt gtgggggtta gtggggagtt660
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttccaga ggattacaga gttattttta720
tttcggaagt ttacgtgatg ggttttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
accttaccaa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggtcca ctgtgggttt ggcactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaaaat tgaaaaccag cagtgtattg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggggtgcagg acgcagcaga aatagtccca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtattttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360
agcacaaaagg ttcttttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420
catttttaatt aaaacatcag aagtaaattt tattttaaac tttaggcctc tgaatttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaag tcaatgggtg gcatctaaaa tgacttttta540
cattctacaa aaaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacggtgtc acctcttcgc600
ggcgcgtcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact tttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaaat aaacaatgga tttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggaggggccc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttcgag cctttcc 857
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 268 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
40 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
ccgcgccccg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggg aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaattca ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctagggtta gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agcttccact gaaacactaa aacccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
atattattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag tttcctcttg tgtattagaa180
tttcattcct atttggttga gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 590 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

acggtcaaaa tgataactca tgtatTTTTat tccaacaaca tttggTTTTat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt tttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggtt tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatTTTTttt cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggtttttatt atattttatc ttatcccgag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgagc aaagacacag agccgtaaag gcaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
atttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggtgc ctcgtggtc cgaattcgtt ggccgacgt 60
ccgccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcgagccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccgccga 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctccggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcct ttatcgcttt cagatttgga 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttcctcg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctattttatc atgctcctct ttaactggat ttgcatcgtg attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggtcggta atcaatgagc 720
50 ttattggaaa tctggttggc catctttatt ttttcctaat gttcagatac ccaatggact 780
tgaggaggag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg ccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttctc ccagtgtggt gtgcgcttaa1020
55 caactgcgtt ctggctaaca ctgttgagc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagctac1080
gagacaaagt ttcttaaatc ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctccccct tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaaacc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact ttcccaacc ccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaal440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttccccct ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttggaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tgggtattaat gagatacgag ggttggtgct ggggtgttgt1680
10 tccgagtaag tgagaaggtg agtggattga ctac 1714

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggctcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aagggtgggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtccaa ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgctgtctgg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttcctg 540
ccgcgcccg cagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgcctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
ggccccact caccgcttct cgtccctcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tcctacatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttcctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttgtt ttgttctttt tggaaactgt cctgggttgg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggg gcgggcaactg gacccccggg1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgcttt ccattgctgc atctgggtgt gatttcgggtc1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaataac cctagagctc ctaccatag1200
tcaggcccta tgccctaccc tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg1260

```

gaaccgcgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggg gccttggaag aatcagggtcc1320
agccctgaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

30 caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120
ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180
tatcttgaaa catctatttc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480
aatgttcttt actactaagc accgttggtg tctcatgga cggatcaca gatgtcgtaa540
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggagggttc tgggggaatc aaagagaaat600
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaagt660
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
gcagccggag taagatggcg ggcgtgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcggccc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcggat tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg tacccaagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacett ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcat ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgaccggag cactgagaag ctcatggaat acaagacctt tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctactgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaa ccatcatggt ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttctgg ctgtttgaag aaaggagaaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtctgg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 tacccttggt gcttatggat gacatttctc agttttctaa gaacttctct cttcggcttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgaac agcagaagaa gcaacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgccaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaaggag agtttggggg gtacctgggt tctgatggca 1260
gcagccggcc ttatcgatgc aagatcaagg ctccctgggtt tgcccatctg gctggtttgg 1320
35 acaagatgtc taaggacac atgttggcag atgtcgttgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtatttgg agaagtagat cggtagcagc gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttccctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggccttctg tgcattgtac 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```
cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcccgc gggaccccga gtcgcgcacc 60
ccagcccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcgggtgcccg cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgcagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
15 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctgag atgagtcgga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc cttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccca gaaacccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tcgcctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggctggtct gtgtttgctt gtttgccac 840
25 ctttggtgta taccagaga acctgggcac ttgctgcctg atgcccaccc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac1020
aggagaccca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg1080
tacccttaga tccttttcta ccactttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgctg1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggtttcccgc 60
 agtcgcgggc agggcgccaa ggcggcagga ggaggggtgag cgggtcaagag acctccaggal20
 agagcggctc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggal180
 5 gggaggaact actccaaactt ttcttattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
 gagggacaat tcattccctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
 cccaaaatat ctatatgaag caggggttttc acaacatggt atgattgggtg taactcaacc360
 acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
 gggatccaaa gtaggatacc aagttcggtt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
 10 caaatat 487

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

35 aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact ttcccccta acgtttttgc 60
 tgaataatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcttgaaaa caattaaaat acttgaaacc 120
 tgtgaacctt tcaaaaaacc ctcaggttgg gaaaagacc ccaaaccttc ttttaaggat 180
 catttgtctc gcccatcaca ggcatttggg aatgtttccc taggggtgtg aaaaattaac 240
 40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
 gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
 tgtgaccggc cataagcca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
 aagcggagc ttccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
 tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540
 45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacacaggca taagacacaa 600
 attatatatt gttatgaagc actttttacc acgggtcagt ttttacattt tatactgctg 660
 tgcgaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctctgtgct tccagacttc atcacaggct 720
 gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttcttttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
 ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggaggaac aatgagcttg 840
 50 gtggacacat ttcatgtcag tgttgctcca ttctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
 tcctggcgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960
 agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcagggtctc tctgcatctg1020
 ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctgggttaat1080
 ttttacacac cctaggaaac atttccaaga tctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaall140
 55 agaaggtgtg gggcttttcc caacctgagg atttctgaaa gggtcacagg ttcaatat1200
 aatgcttcag aagcatgtga gggtcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaactt1260

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaaggga1320
aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaata1380
tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440
aagatgacca tgcgcctttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500
5 tgccccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560
cattagcatt gcatgcaggt ttcattattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620
gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgcgcgcgag cccgtgtccc cacggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60
agggggcgga gggagccgc ggcgcgcgca gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120
35 ctgacacccg gcggtgatc accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
gcaacttctt cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggtcggc cgggggccgct 240
tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420
40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtgag agcagtttat 480
aaacaaggtc gctggcatc ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
45 cagttttggt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780
ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc aactatagc 840
ctcacaacc tggtattcca gtgtaatctg cagtgtcgtg actaaagtta ctggcttggt 900
cttatttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcag ctgattaact agaattttc 960
tctttccccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020
50 cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaag tatcttcctc1080
caggcttgta atacccttca catggaagat taatgagga aatctttata ttctgtataa1140
aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200
aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260
ggcgcgccgct ct 1272

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcacatgga ggactctgaa gcactgggct 60
tcgaacacat gggcctcgat ccccggtccc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcg 120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
ctcgggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
30 ttctaccacaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact cctggagct tttggtggtg gacgaagctg 540
accttctttt ttcttttggc tttgaagaag agctcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600
35 tcacttgccc cggatttacc aggcttttct catgtcagct acttttaacg aggacgtaca 660
agcactcaag gagctgatat tacataaccc ggttaccctt aagttacagg agtcccagct 720
gcctgggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780
cctcctgctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840
caacactcta gaacggagtt accggctacg cctgttcttg gaacagttca gcatccccac 900
40 ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgcg ctccagggtgc cacatcatct cacagttcaa 960
ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtcctggggg cccagtcacaa1020
gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080
ggcccggggc atagacttcc accatgtgtc tgcgtgtgctc aactttgatc ttcccccaac1140
ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt1200
45 cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260
tgagagagaac agggggcccca ttctgctccc ctaccagttc cggatggagg agatcgagggt1320
cttccgctat cgctgcaggg atgccatgcg ctcagtgtact aagcaggcca ttcggggagg1380
aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga1440
agacaaccct agggacctcc agctgctgcg gcatagccta cctttgcacc ccgagtggt1500
50 gaagccccac ctggggccatg ttctgacta cctggttctt cctgctctcc gtggcctggt1560
acgccctcac aagaagcggg agaagctgtc ttctcttgtt aggaaggcca agagagcaaa1620
gtcccagaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaag aaattcagac ccacagccaa1680
gccctcctga ggttggtggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca1740
cccttcgtgg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800
55 gccggcagtg ctggggccctt tagctccttg gcacttccaa gctggcatct tgccccttga1860
caacagaata aaaatttttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 608 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25 aatggaacca ggaattctta attaaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60
aaattgcca aggaagcaa agagggagat gaccagtgat acctccagtg ccagaggtca120
ctttgtggag ccaaatgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtcccccgca180
ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttcctt ggcaccttaa300
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggt cccataggat cccaggaccc360
aagtcctgtg tttcatcgtt actaccatgt gtcccgtag ggagaactgg aaggtgcctg420
caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540
35 cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttgtggg600
gaagtacc 608

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```
10 tgaagagaag ttaaggtgaa gagccgaaga gcttgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacggggaga gagaaagggg agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggcggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagaggg gatctgatga taaaaaagt 480
   agtgtgaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaatgaggt caatgggacc agtgaagaca ttaaatctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgatc tgataagacc tcagatcaga cagaggtaag tgtattgttt 660
   ctacttttga ttagggcttt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaagta tgcacagatg 720
   aagatggaaac taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtatgcctgc aaacattttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtgtgcct ctttgaaat tatcgccac atttgaata tagtcgccat 900
25 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat ttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaaggttga actgtttttt ttttctttt tggattaaag tccatcttgt gttggtacat1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaa1200
30 cttaggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaaactaag cagggtactca1320
   tgccaggtac tcttttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttta1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt1440
   attgctgtaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatgc ctttaaagaa ttttaaatac aataaact1560
   tcatattatt cgccttgtaa cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgt1620
   aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact1680
   cactggctga tacatttaaa gcagcagtgat gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggg tttttaaaga aatattaaa1800
40 gttaggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg1860
   gacaaaatat tcctaataaa aggaagtacc aattagttga tttgttgggt gcattccct1920
   tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt2040
   ccattgtacac atgttaatta gcagtttagt actgggcca cactttctca taaaaattgg2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtttagt gactactgtt2160
   cgaagatttt tggaagaata ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctcagttagt tttttatta2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgacctt ccagatttca gaacatgtgt2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tctgtatca tacttttttc ttttaagact2400
50 ttttaagaaat attacttaaa catgtggcct gctcagtgtt taattgcaag ttttcaatt2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc2520
   atttttaciaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaataa agtatctctg2580
   actttctgtt acaaagttag ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

gacaaatgag gggttgccat gcagctcgctc atcttaagag ttactatctt ctgtccctgg 60
tggttcgccg ttccagtgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tggtgagggc120
tatttccatc aatttttccct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccac ggagacacaa180
25 acacagctcc tgcaacaatt ccatcggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gctgatggg tccgacaact gcatctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggg gatgttgagc agaagatata attcaaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaaagga agcaatggct atgggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaaaggta aatcatcaag gacatagatt ctggaagtccl180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacy gcgagtcctgt240
ggaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccaa tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtcacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggtcggtc aaggtgaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgcca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggt gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgccctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagtc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cttttggaca 60
cgacagttag cgcataattta tcaactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaagggtac ctaagattgt ca 202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

20 ggcgggtgga ggcggcggt gggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggccaca 60
gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggctctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgcccagtc 240
aattatcctt catgtctacc tggatatctg attaatctctg aacagttgac cagggccag 300
tgtgtgactg tgaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgtc ggagcctatg 360
25 gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420
actggcagtg gcagtgaata gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
tggataactc ttttgcatct agatcacatg agagcaaaga ctaaatatgt caaaattgtg 540
gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
cttgatttta ctacaggag acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaac 660
30 ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720
gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggtttctg gcatttgaag tcaaagagta 780
ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tggaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900
agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggt taattgaaat agtcaatttt 960
35 aaagtttctc tgaagcaaaa tgatagggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc 1020
tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg 1080
ctaggttcag tagatgagac attatttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaacal 1140
cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttctgtal 1200
attaaatgat tttttaaaaa aagaa 1225
40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10

```
gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgcggt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cggtcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
tgggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttattggt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctattt acaatgggag 360
gttttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcacaaaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gtccattgga ttctgtctgtg tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
tcattgagaat gaaactgccg ggctatctga tggggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaatatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacagggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatattcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatggtgc 960
tttgccctta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa 1080
aaaaaaaaaa aaa                                     1093
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 309 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

5 cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120
aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggt agatgatgac180
acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240
caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300
agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaacact cagacattct 60
gtgcatgttg ttcccccaaa gcatggatc cacaaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120
cgctcctggt gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
35 gctacccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtt ggaagtgtt240
ttcctcgac gttgaggctt agtgagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300
tggtctggtc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360
atgtttatag atttcttata 380

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

10
gcggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
ccggagggaa ccgcctggcc ttcggggacc accaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
gtatcctact ccctgtgccc cgaggccatc gcttcactgg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
tttgggtgaca agatttgcac tcacctggcc caaacccctt ttgtctcttt gggtagaccg 240
15 aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
tagggctctcc ccgcccggcg ccccagtggt tttctgaggg cggaatggc caattcgggc 360
ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggctgcacc 420
gccatcccgc agtggcagat gagtcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20 atgtacgact cgggtgctgc cctgtccgcg gccttgagg ccactcgagc cctaattggtg 600
gtctccctgg tgcctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gccgatatag ccatgggtgg aggcataatt 720
ttcatcgctg caggctcttg cgccttggta gcttgctcct ggtatggcca tcagattgtc 780
acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25 tttattggct gggcagggtc tgcctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
tcttccaagg agtatgtgtg acctgggata tccttgcccc agcctgacag gctatgggag 1020
tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaal 1080
aggcctcctg gtcactctgt ccctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg 1140
30 ggggtgccgt tgggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa 1200
aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

35
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 439 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgtttgg tgctctgact 60
gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaac120
5 tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
atgaacattc cagtgcgtgt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaacccaa360
caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
10 ctttggttgt accttttaa 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

35

tggacctgcc cgacgccctg ctgcccagact tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
tcgtgctggg aaacaaagt gacctcctgc cccaggatgc tccgtgctac cggcagaggc 120
tgccgggagc actgtgggag gactgtgccc gcgccgggct cctgctggcc cctggcacca 180
agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40 ctggtcccg cagtggtca gggacgtgcg gctgatcagc gccaaagaccg gctatggagt 300
ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
gggcgccacc aacgccggca aatccactct cttaaacacg ctccctggagt ccgattactg 420
cactgccaa ggcctccgag ccatacgacag agccaccatc tccccttggc caggctactac 480
attaaacctt ctgaagtctt ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
45 tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagttagc aagaacaaaa 600
tcagcttaat gtccctcaaaa agcatggtta tgcgttagga agagtggaa ggacattctt 660
gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt gatgctgatt cacttgctt 720
tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
tgacacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50 ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaataat gttttgcaa cacagtccat 900
tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcaggctca1080
tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtgggccg1200
55 acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 695 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

tggttcattgc ctctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60
tgagagaagg tctcattcgg tgttttgga agagagtcgt gtgggccag gtatcgtagc120
ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180
30 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccg tgcgctgcag acccgcttg ccaagagagg240
catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300
tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaagg360
gttcgacct tcttgccggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420
gctctcccca catgaccca actccgtggt taccaaatcg gccaagaagc tcagaagcag480
35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540
caagtccgac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca600
cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcgga660
ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

.40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10

15

20

25

30

35

40

45

50

```
cggcgcacggc gcgggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120
acattcgcata aaggatatgg aaaatacttt gcagctgggt agaaatatca tacctcctct 180
gtcttcacaca aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240
gtacctgga gcccatatt ttgcagcaat ctgagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300
ctgttcacata ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgctgta ggacctggct 360
tgggtagaga tgatgcgctt ctacagaaatg tccaggcat tttggaagtg tcaaaggcca 420
gggacatccc tgttgctatc gacgcggtga gttgacttct ctctcctgg ctcgactcc 480
cggaaggcct gtgcagtga cagggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540
gctcagcagc cggccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cggtgggtcca gaaaggagag 720
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcagggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780
aggtgtggga ggcaaggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggt aactgggag 840
ctcctgtctg gaccacagaa acaaatggg tccagccctc tcttggtggc cgcgtttggc 900
gcctgtctc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgctccacc 960
accacctccg acatgatcgc cgagggtggg gccgccttca gcaagctctt tgaacctga 1020
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080
aaaatccgga cccacgcgtg tgcgtgaagg gtacgggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140
cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggttaact 1200
taatgcatgg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaaag tattcctgaa ctttcttag 1260
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320
ttagcagctc aacagagttt ctgggcctgc tccagatcgc gcgaagtttc tacttgttac 1380
tctctctgcc ggccgccttc gtccctcctc tgcttccctt ccctagctct tcctccggca 1440
gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagctcc gactgcactg actgggtcca 1500
tcagagggct gcttcgttct ccagctcctc ttctttttaa gtgtgacta gcttggtggt 1560
atctggctgc tgggttttgg ctatttgaca tactccagg taatcaatga tgactttgtt 1620
tggaaccctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgcg ctgacctgtg 1680
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgctt cctgtccac gctctccgt gtccgtgtct 1740
acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800
acgggtgaag gctgcagcct ggggtctgac gtggccctta gtgctgtctc aggagaaggc 1860
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcaagtatg gcgctaagga gaccggggga 1920
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980
cgcgctccagt aaagacactg gtaactgcgg tttagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040
acctcgggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggt ttcgtgctg acgctgtcat 2160
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggcaa accctcctgg 2220
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataacctg tgatgcagac 2280
atgccccaga tggattctac tttcttttaa actagggact ttcaagatta aaaaaaagat 2340
tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcaat gtctacatgt gaacttttcc 2400
agaaaaactg tgccatggac atttttctc tggggaatta acatctaaat tctggtaact 2460
attaaaagac agatctggtt aattttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aaaa 2514
```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20 cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180
ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
aggcagtgat cagcccattc cctgcaaggt gaag 274
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

50 cggttttagc ggcagctctt cggtattgtt tccattgcc aacctaccgt gctggcctat 60
gaacgttaca ttcgctgggt ccatgccaga gtgatcaatt tttcctgggc ctggagggcc120

attacctaca tctggtctta ctactggtg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtggtgcc cctgggtgtc300
atagccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360
5 atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcctggtcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60
agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
35 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcatccaac agcatatggt240
ccctgcaagc ctgttttga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtctttgg aagcaatata ttttccagg gttccaatgg actacg 346

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
ccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag ccagattcag ctacagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
atcgccattt tctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagcttctca 480
tctgccaaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcgagagtg ctgcggggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc ccgcacctc agagtctact gcggcctttg tgggcccgcct tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tctgtccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgtc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttgagtg tctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgat atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca 1140
30 aacattcctt tgctgggtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200
ggaggctaag gccgtctcgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaag gtgcacgaag 1260
gccccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320
atccaggaa 1329
```

- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

5 gccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt120
cacctagcag cccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc180
gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca420
cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctcccccttc ccagcttctc480
atctgccaag ctttcctctg tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctctgggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt ttgtttccac720
cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

45 accagggtcaa gctcaccoca aactattacc ttccgatgcat gtgttgatcat accctgtgga 60
gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata120
aaagggtccc cctatcaaga cccttggttc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgccat180
agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccggtggt240
tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtacccccc taattgccag300
tataaccaat gtaatccagt gcaaatctct attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
cctactttta gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420
50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20
cggcgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagAAC attttatttc tcagcaattc 60
tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180
gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgaac 240
25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagctctgtg tgaggccagg 360
ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420
taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatacctg tggatccctc 480
tacttaccoc ttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaacctt 600
aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
attttaaaat cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
acaaccattg tattcctgtt tttctaaaca gtcctaattt ctaacactgt atatatcctt 780
cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
35 caacaactt gccctctcat gccttgctc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
tttggcctgt ttgtttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
tttagggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020
caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaal1080
gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140
40 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgctctag gccattgatt gattgattgt1200
cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaac acaggtaaca1260
ggctggcacc agcacttggc acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt1320
ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380
tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagtttttg1440
45 tgttgaactt ctacagaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcata1560
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620
cagtattcag tccctcatga acattttata gtcactctct cggccctgtt gtgaaatatg1680
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaattttat1740
50 ggtgtccttt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatTTTca tccatgttgt agtcatcttcl860
tctctcagc ttctgtgtgt ttctcccttc cccggcagct tctgtctct cctcctgtcc1920
gtcggggatg acaagctggc ctgctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980
tgacagggca gcctgcacct gtggggctctg gccagttct cccgctcccc cgaagcctct2040
55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccggcctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100
ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 ttttttttaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggctcgtga aagacaggtg 60
aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120
aaagaaatgc ataactctgt ttctgttctt gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
tctggtgtgt agtgccagga ccagaaacct acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
30 atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggggtgtt360
tgtggaacct agtgaaactg tgtaaacaca gtggaactgt gttaattttg agtggaagtt420
caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 408 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5
tgcaactgtg caccagcgtt gccagatatt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
ttggtcccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcttgaca agaggctgct120
accagaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggtgt gctgactcc180
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300
agaggaggaa ctcgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 311 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

40
tacagttttt atcagtgate acatttttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcagtagt gcatggggta catagggaga tgagggaag catcaccaag120
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc ttttctcttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 487 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggccaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaactttt tgagtatcac360
ctttgcatac tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc atttttaggga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgatc ttgactgtgc aactcagaca ttcctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120
tgttcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcattgaatg 180
```

```

tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360
ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420
5 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctggtgcct gattaaggct 480
tgagtattaa gtcttcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaaact tggggtggta 600
acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaacctcc 660
tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
10 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780
ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
tcttttgaac acattggtct tttctcaaa gctctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020
15 aggacaggga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttaccctagc atgggacaag 1080
tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140
taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca acctcaagg 1200
acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260
tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320
20 ctgttgctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaacctt 1380
gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaa 1440
tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattgggt tttattattt ttttctttt 1500
tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag tttagtaatgc atgttagatt ttagttttg 1560
aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaa 1620
25 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttggt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgtc taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740
gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800
cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt 1860
tagggccatt ttatttaaaa gaaactccc gttgagaccg gt 1902
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88
- 55 ctcaccgtcg tctacaccgt gttctacgcg ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60
tggtctgtgc tgcgttaccg ccacaagcgg ctcagctacc agagcgtctt cctctttctc 120


```

5  tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
   ggggcccaatt cgtcagccc ctctgtcttc tggctgctct actgcttccc tgtgtgcctg 240
   cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
   tcaaaatatt ctocagaatt actcaaatac cggttgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
10 atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaa gacgggaaat 420
   tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct ctctgtgctg 480
   tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
   tacttgagtg ccaagggtc ctccgtgtgt caagtgtact ccatcggtgt caccgtgata 600
   ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcattc tgtcattttc tcagaacaag 660
15 agcgtccatt cctttgatta tgactggtag aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
   cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
   cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
   cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttctttg acaaccctcg 900
   aagatatgac agtgatgatg acctgcctg gaacattgcc cctcaggac ttcagggaag 960
20 gttttgctcc agattactat gagtgggga caacaaacta acagcttcct ggcagaagca 1020
   gggaactttt aaagcctcaa agtttga 1048

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 804 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

45  gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtacccacgt gtcacagccc ttccctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
   cacctagcag ccagttcag ctacagagtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatc 180
   gtttgtacag tagaccccg attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
   atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
   ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
   actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca 420
   gccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctccccttcc ccagcttctc 480
50  atctgccaa gctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
   atgcagaatg gggagagtg cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
   cagtggcatg atgagcagg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
   ctcttgacc cccgcacct agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgttccacc 720
   ctcatctcca aggcagggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55  ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25 tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60
aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120
ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatcct gaaattgcta180
taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240
cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300
30 gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360
acagtataaa aacataaaatt ttttcgtatt tttaattttt tttatttttt tggccaagga420
tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggtttcc ctggcacata480
atagcactgg cccaacttc ggagatggcg gatgogggta aaaagccaaa aggatggatg540
gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag aggaggggtg 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtctg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat1080
25 tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggac ttaactgtatt cttgaatgca1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt ctttgaatg1560
caataataga ggcttttctg cgtaaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggggt gcccctcctg tcctcagga1680
35 tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc1740
cgctcctg agaaaaccaa cccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa1860
tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
40 ggtgtggaat ttgttgaggt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag 2042
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 430 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtacca aacaatcatc ttcctttatt 60
    tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120
    acttctcggt caccacacac gtgggagtc actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
    ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
    cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
15 acctgcatcc tgcatacctaa gcacctattt gccatgcggt gaggcttaac ttgggaaact360
    tcaatttgct tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
    ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45 aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatgtt ggatttatta taccctccac 60
    catttttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggtcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
    actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttgattg180
    gtttcccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
    ttgtgtccta ttaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
    gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
    tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
    ggtgtctctt catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgctt ctgagggcca540
    aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

25 aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
atatacctagc tgccttgtca acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggtaact120
ggcagcaggt aggaactat gtgaaagaat ctccgtgatgt cataatttcc ggggtgtcacc180
ggaacatttg atcatcatc ctttggcaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttgggtt tcagtgaagt300
30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360
attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420
accaggcaac tccggagggtg ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540
tagcaccatt aagtcttttg tcaaggctctg actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
35 ctggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggg ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaaa aaaa 674

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 324 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
10 gttctttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatTTTTT 60
    gattttgttg tctagtttaa tcctaccttt aatagttgtg ttgggtaaaa ttcccacttg120
    aatgtgacac tgataataat tatgctgatt ttagcatct cttataggaa tcaaagttta180
    ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
    ggtataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```
45 ggatgeggca ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
    atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120
    caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180
    gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
    tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300
    aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttgagag360
    gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaatt ggtaaactgg cttctaattt420
    ttttaagtac agtatTTTTT tttccctttt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480
50 tacagtctgc tttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540
    gagggggcct ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600
    atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660
    tttggactta catctaaatt aaggctattt taagcagatt gttttgcaa 709
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgaacgagcc tcaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaaactcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacctggca cccctgggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
tggggacaca gtggggccac atggggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctccaggacct360
tccagggtcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaattttt tgcattggaaa480
gtaaatgtgt actttgatag ggttaaaata tggctctttt taagttgctc aaccccataa540
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gactgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gccaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgcctgctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcaggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaag aaaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg ggtgaaaac ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaagggggg cccaggaccc 480
15 cacagccttc tcggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc ccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagttaa aagaagccag tcaaatgtga ggctccggaa tacatcccca taagtgtatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaga aaaagatgaa gtccaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaaacag acacggactt agaggtgggt ttggaaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgcal1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaaccagc ttggccagt1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat1200
ggcctcggc agaaggcg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg cccccaacaal1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctagal1380
30 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaatgg aacactaggg ataaatgggt tattcagttg1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga1620
ggacaactat attgatgggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc1680
35 aggagaacga gtgagtgcta aaacctcctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtaacta gggacatact1800
agtgttttcc ttaatgtatt taactttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc1920
40 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 483 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120
tatttttccc cctttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180
tttcatcaat acaaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgatg agcccaggaa240
caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaatta ttttccttct300
ttttttctct ttaaatTTTA agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360
15 tatatactac tatcagTcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420
tgtaatagat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaaat cacagcagtt tttagggttc480
cct 483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgccttc cgttcggcgg cgctcccatg gcgcacatta 60
ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120
gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180
ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccccctta tgatgaaatg tttgcagctc240
atttaagggt cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300
ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360
tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420
50 cagttgggta aggaagg 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

25 cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcagggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc aggtctttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacaccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

tcggcgctcac atcctgagtc gcgcctctgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctcggtcccg tcggccggga accttctagc 120
5 caaggatctc agagtgcctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtccct 180
atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggagagagc tgataaatgg 240
atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag 300
gaatcaaadc acaacccaag tgacagttaa tcctaaacct gaatggcgct catgttttcc 360
aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggctgcaa cagaggatga agaggataga 420
10 aatttaatta atttcaaadc aacatagaca caagaacct ttgctgtttc ttccaacgcc 480
cactcttcct aatgatggca t 501

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
aaacccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttggaga 120
cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg taaaaaggat 180
40 atgtataaat attctattta gtcacacctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
atgggtatgat tctacatatg taaccttctgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcaggtc 300
atttacaatt gggagatttc agaaacattc ctttcaccat catttagaaa tggtttgcct 360
taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45 agcataccca ggggtggcctt tagcacagta tcagtacatc ttatttgcct gccgctttta 540
aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
tcactaaaaa atggggcaat tgtagcctt acatgtttgt tagacttact ttaagtttgc 660
acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
50 agctttgctt gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attctttgct 840
gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900
ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgctct ccaatctccc agagctcgct 960
ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat 1020
gttgccccaa gactaggcct gggaactgtt ggggggccaa ggggattgct cccgtccgcg 1080
55 aggcctcccg agtaggccg ga 1102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

25 gaccaacctt ccctgccatt tatacggcat aaaacccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttcta180
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaathtt tttgaacaag300
30 ggtcat 306

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

5 tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgctt ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
aaccgccccc ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag agggagggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgcctgag 360
10 gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgacttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtag gatgtgttg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtgttt 660
15 acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tcccaagcct 780
ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
20 ttgccttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat1080
tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctctg tgattcaaaa1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
25 agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggatc ttactgtatt cttgaatgca1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttaccccac1440
tgactgtctt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg1560
30 caataataga ggcttttctg cgtaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggtgggggtg gccctcctg tccctaggga1680
tcagactccc agactgggta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggtt attccctggc1740
cgccctcctg agaaaaacca ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggctgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa1860
35 tatcggtttg ctttttgggt tggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
gggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag 2042

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttccagaa ttttccccct ttgacacaaa ttccatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgct atttctgtaa aatcttccct gactcttcca120
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gatttacagt180
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtggtaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgttttggtt ttactgtaga300
tttcgatcat tctttggtta 320

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120
ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagttact180
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt ggttaccac240
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca cttcccacca ctgtaactca catccccctt300
cccttcctta ttggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360
45 tccaacccca gccctgggg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgtagg gataaaaacc420
tttctcttc tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagccttt480
tgcagaagta aattgccttg ctgagg 506

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```
20  gcgcggccgg  cgcctgcggg  gcgagagggg  cggggcggaag  gggaagctac  gtcccggagg  60
    tgcggtgtgg  ggcaccgggc  ggggccggcg  gaaccggcgc  cccacggagc  tgctgctgtc  120
    agaccaaccc  cgggccccca  tcatcactgc  gccgcgcttt  caggcgccga  gaactaccgt  180
    tcccggcatg  ccatgaaatt  ggcctcggcg  ctgaggcggg  gtccggccct  ccaccgcgtc  240
    ccgcccgcgc  cgaatcgccg  tcgcgagcca  tggaggagga  ggcacgtccc  ccggggctgg  300
25  gctgcagcaa  gccgcacctg  gagaagctga  ccctgggcat  cacgcgcata  ctagaatctt  360
    ccccagggtg  gactgagggt  accatcatag  aaaagcctcc  tgctgaacgt  catatgattt  420
    ctctctggga  acaaaagaat  aactgtgtga  tgctgaaga  tgtgaagaac  ttttacctga  480
    tgaccaatgg  cttccacatg  acatggagtg  tgaagctgga  tgagcacata  attccactgg  540
    gaagcatggc  aattaacagc  atctcaaaac  tgactcagct  caccagctct  tccatgtatt  600
30  cacttcctaa  tgcacccact  ctggcagacc  tggaggacga  tacacatgaa  gccagtgatg  660
    atcagccaga  gaagcctcac  tttgactctc  gcagtgtgat  atttgagctg  gattcatgca  720
    atggcagtg  gaaagtttgc  ctgtcttaca  aaagtgggaa  accagcatta  gcagaagaca  780
    ctgagatctg  gttcctggac  agagcgttat  actggcattt  tctcacagac  acctttactg  840
    cctattaccg  cctgctcatc  accacctgg  gcctgcccc  gtggcaatat  gccttcacca  900
35  gctatggcat  tgcgccacag  gccaaagcaat  gggtcagcat  gtataaacct  atcacctaca  960
    acacaaacct  gctcacagaa  gagaccgact  cctttgtgaa  taagctagat  cccagcaaag  1020
    tgtttaagag  caagaacaag  atcgtaatcc  caaaaaagaa  agggcctgtg  cagcctgcag  1080
    gtggccagaa  agggccctca  ggaccctccg  gtccctccac  ttcctccact  tctaaatcct  1140
    cctctggctc  tggggaaacc  ccaccgggga  agttgaggca  cccttccttc  caatttgctt  1200
40  aaccagtttc  caggagtggg  gtgggttttt  ccgtggcaca  gggtggggcc  ttaggggggg  1260
    ttggacgttc  catTTT                                     1276
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gtcaaggtgt ttataataga 60
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcattaga120
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatataa aaatggagaa cattaactct180
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240
ctgcaaaaat gccagtact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300
tttaaatagc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360
ccttttggtt acc 373
20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggccaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtgagg cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
50 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaaccattt tgagtatcac360
tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccca actgaagggt ctattaaggc480
agggttccta aa 492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcctggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttaccccca 180
30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggatatcc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct ttcccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccaggc gccatatggc catgactacc ctgcagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480
35 gaggcccgca cagagagact gtccttttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctggtgctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cacttattcg atggacacag ctatggaggc ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780
40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020
cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcca cctggcttca 1080
45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taacaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260
gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt tttttctgt tcctccccga 1320
gaagccctct ggcccccagg aaacctgttg tgcagagctc ttccccggag acctccacac 1380
50 acctggctt tgaagtggag tctgtgactc ctctgcattc tctgctttta aaaaaacat 1440
tgcaggtgcc agtgcctcc atgttccctc tgacagtttg atgtgtccat tctgggcctc 1500
tcagtgtta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560
actctcctat caatcacttc aggctacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620
agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

25 gtcgccatga ctgccaaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
gccagctctg atcaaaggcc tgtggtccct tcatcgaggt ccaggtttgc cttttccgtg120
tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcc aagacaacgc cgtgatgtcg240
actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaaggtcta actctttccc300
tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
30 gtgttgggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
cctcttgagg acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
aagtgagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
cttggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
atcgaaaaag ccttattcta agaccaag tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
35 tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttggac ttttaagaaa acatggatac720
tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgcagg ccacatatca780
acacaggggt ttaaggtggg tgcttggtg cacacgtgaa ccccgaggcc cccagatgc840
cgattctgag ccagtgtaga ccagg 866

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

10
gcgcggccgg cgctgcggg gcgagagggg cggggcgaag gggaaagctac gtcccggagg 60
tgccgtgtgg ggcaccgggc ggggcccggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
agaccaacc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
tcccggcatg ccatgaaatt ggccctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
15 ccgcccgcg cgaatcgcg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgcc ccggggctgg 300
cctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga cctgggcat caccgcgcat ctagaatctt 360
ccccagggtg gactgaggtg accatcatag aaaagcctcc tgcgtaacgt catatgattt 420
cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
20 gaagcatggc aattaacagc atctcaaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600
cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgtg 660
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
atggcagtg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
ctgagatctg gttcctggac agagcggtat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
25 cctattaccg cctgctcatc acccaactgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat gggtcagcat gtataaacct atcacctaca 960
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaaag1020
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtcctccac ttctccact tctaaatcct1140
30 cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct ccctccaact ccctaccagc1200
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg ccttaggggt gacctccagt tttgctgtg1260
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca1320
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtcccctgc ctctggaagc1380
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaatatt taatgcagct gggtc 1434
35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

5
ttggcagcgg ggagaggga agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
ctgcctttga cccatcacac cccatttcct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaa120
aaaaaaaaag aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180
tggaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccat attttatgca240
10 acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
gtattccacg tttttagccc tcagggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
tattgctata tctttgtgga taatacattc aggtgggtgct gggtgattta ttataatctg420
aacctaggtg tctccttttg tcttccacag tcatgttgag gtgggctccc tgggtatggt480
aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
15 tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttcctgcctt ctgggttccc600
catttttact attaagaaga ccagtgataa ttttaataatg ccaccaactc tggcttagtt660
aagtgaagtg gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactagggtg cagagagccc720
aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaaccctt aatctgcaa gacagcagca780
agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt gggttggtt840
20 aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaaacag gtagcctaca caccctaat tgggggtggt900
cccggggaa tggt 914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 685 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

gaaaatccag ggggtgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60
tgcctactga ggggcagcac aagagaattt tgcggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
50 ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
gtgtcccca agttaacca cgttccctgg gaccacctc cctccccact gccacttccc360
accagcctca cgcaagggcc aggcccttcc ctttgagct cacagcccag cagatgttag420
55 gtcagaatgc gtcccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480

agatattaac accccctcct ccatgccttg cccaccttct gggccagtag cagtgaaggc540
aggaagccac ttctcccacc cccaggctgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
gcaggagcca agttgggagt tgaccttgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagttgg ggggagggaa ccctt 685

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

30 ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
agtcttcatg tgagcatgtc ttcccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
gatagcaagg ttttgaagca tatgtgtcct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
agcactccta ggaggttccg tgcctaatac atgttgactg ctttgcagat ctcaaggga 300
35 taaaatgaca aaagcaggga aggttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttggaa aacagtgata tcacatgatt 420
aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
gttgactttt attcattaga tacagaaggc gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
gaatggctca ctacacagcc attggggtag aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagtg 600
40 ccttcattgt ggctcattgg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
tatttctgta tgccaaagtg atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
cttgcatcct ccactctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
tagagacagg agtataccca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
attttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900
45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgtc cactcctgtc ttgccatgca 960
cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag1020
tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga cagggagcca ggccctctca cccctactgg1080
taacaggctc ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggtc atgctgcatg1140
ggcttctact ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagca1200
50 aggaaaactc agatttttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggctcatgatt1260
gatttcaaat gcctgccatg aatgattttg aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320
attgtaggct tttgaattgt cccagtggat cggggacccc atttactgt ctctcttgat1380
cgtgttaatg atgcaatcag agttcaagac aggcccatg aagtctgact gcactgggat1440
ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgcagcc aagacgggag1500
55 tgccactgtt cctctcttca ctcttgagat actgcttctg gaagcgggtg tcacttctct1560
tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttgagcag1620
ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta1680

```

5  tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
   catagattaa atgtgtctgt gtggacagga gggaaaaaaa aacctcttac atattgaaag1800
   gcaccaaagt taatatctga cactgttaag atgcccaaaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
   tgcagggtca tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagtccacg gctgacttgc1920
10 agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
   cttcagagggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
   gaatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatccttt2100
   tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc2160
   attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
15 attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc ttttttattg2280
   catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
   ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg2400
   agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgtgg cataagatgt2460
   aaagtttgta attaatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
20 taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
   acaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag2640
   aggaag 2646

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45  ttatcttggg agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
   ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
   tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
   tgtgggtttg ggttctccct ctttctctct gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
   atgtttttta ataaataccc ttgggtctttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
   ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg tttactagat gcaataatac 360
50  ttctctttga catttgtact gaagtgattt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
   ataggcatat ttataggttt ttccgcctcc ccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
   acaagccctt tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
   gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
   cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctgggggtg 660
55  gtgggtggcca cgtgggtccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
   tgggtgaactt tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
   ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatctct 840

```

```

taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaaat tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcattgacca aagatacagg1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
5 agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
tcttaaccgg cacaacact ccaatttttt tcactgtgaa gccgcaagca attttttttc1200
tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tattcttgtt ttactcattt cagagagggt1260
agtaaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaca ttaccgagaa aatcatgctt1380
10 ttcaagatgc ccttgctttg ggatattcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagtttaac1440
aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
aattcccagc atttatgttc tgttgatttc tccccttagc ccagtaacat ttttatctaa1560
taccctattc cccaagtttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagttg1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaate tggtagagt1680
15 ggagtgtgga gtaaatggtg agtatgttaa taaaggaaa ctgtctctga cagaatctca1740
gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggtagga taaatgatgc taccctgtag1800
ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct1860
agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa1920
tatttggtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc1980
20 ttagggccct tacatacgca agaggggtgc tctagtcca tagctgtagt tcacaggaag2040
gacaccagga gaagtatac ctagggtctc tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
gtttcctgaa actggccatc aggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
ccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctgggttga tgttttcta2220
ggcaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
25 aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
ttaattttat tgtaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
gatgatagaa tgttcccata tttttcttgt aaagaaaaata atattttaac ttacacatcc2460
tgtagaaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
30 aaagggtcgg ggctgtggca ctgggtgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
atttataatc actagtctct ggacttg 2667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

catctgtgca tggatgagt ggcgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcaactgagga aatacttgtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
taaccttgga attaatattg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
5 tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac aggcccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaac360
gccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgatagg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaa480
cagttagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaagg taatttgatc accatggggc540
10 atga 544

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

gtttgatact ttctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaatttttga atcagaaaaat agatccagt tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggt ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
40 aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tgggtgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aattgtgcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttggt tgcaaaaagt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45 aaaaatcccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttata 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggttta aagctcttat ataataata 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggtatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccctttg ttctatggtt gagaaatctg aggccttacg aagggttaaga gaactttccc 780
50 cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgtct tctggttaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaaataatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact ttgtaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat taaaaaacat aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55 catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260

tcacaactgta ttaattgact gataaatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattgttaa tataaagtc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
atcacacaaa acttaaaatag agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tgttctaatt 120
tatagtgtta tttttgggca gttttgggtg cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagt ataaaaatcca ttagttttta 240
agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt ttttaacggga 300
taataatgct atgtctacat aaaatgatt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360
35 tcatgtataa atggaaccat atagtacata catatcatat tcttaggtct ggcaaatatt 420
tgaggttcat ccatatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatggttgag 540
gctttcctaa gtgaagtgtg aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
tttatctgtt caagcatttt aagattttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720
tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatag cagcatccca 780
aagtcaccaa gataaaccct cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatat 960
45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020
tacaatattg aatgccgggc gcagggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080
agggactaga atgaaaaaaa agaaccataga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg1140
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgaggggtt aaactagagt1200
atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cggtgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt1260
50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttacaaa ttggaccgga aaacctttaa gcagtaggg1320
aacttggagc tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatatt1380
atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat1440
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500
tgtttgctta tgtagtgcg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa1560
55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc1620
aatatattaa actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggcctgcact tgattatatt1680
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc1740

5 caaagagctg gattttttatc tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
tattttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgactg aagttccttc1860
aagtgcataa attccttttc tacagtcttc attggattta tgtattttctt attcctaata1920
tgttttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacattttaa agtaacagtc1980
10 acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
15 gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggtcca gcatcggtt2340
tggaagaggc caatgtgcc tgggtcccta ataaag 2376

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 225 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

40 cagttgtgaa gttttgtaaa atggtcaccc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
aaaattgcc ggtatctgtt aaggtctgcc tgtagatctg ctgtagggtt tgtcaccatt120
ggaagcaagg tctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttcctt acctt 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1967 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
acggggcggcg cccgcgctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccg cgcctcctcc 60
15 gaccogctcc gctccgctcc gctcggcccc gcgcggcccg tcaacatgat ccgctgcggc 120
ctggcctgcg agcgcctgcg ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgccctc 180
gacatcatcg cgctggccgg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
tcgctgtggt ggaaatgctc ccaagagggc ggcggcagcg ggtcctacga ggagggctgt 300
cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggctg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
gtcttcctga gagtgtattg aggtctcctt gccttggtcg ctgtgttcca gatcatctcc 480
ctggtaattt acccgtgtaa gtacaccag accttcacc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540
acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660
25 ccaggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg accttgaacc catttttttg 780
cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaaata atttgggaga aaatatTTTT 840
taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
actaattacc tatactatgc caatatctcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag 1020
atttaataat ctgatcaagt tcttgttatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg 1080
gctaaggaga agaggaagat aagggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaa 1140
tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcattttc 1200
taaatagcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa 1260
35 ggcttcatgt tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta ttcatgggtc caaacctgtt 1320
gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta 1380
aagttcttta tagggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg 1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaattttat 1500
atgactgata gatctggtta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tcttgtcaca 1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcaggttt 1620
atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac 1680
atatagttaa aatcctgggc tttcttggtg aacagatttt aaatgtctga tataaacat 1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacggat 1800
aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaaata 1860
45 tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt 1920
ccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 612 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggt ggacccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtacct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc ttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcaggggtcct cggtgcccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctgggtct tcgctgtagg ctctcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctcttccag480
gcctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacaggtt ggttggggga gaaatgccgt600
tttggggttc ca 612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgtcattgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttctcg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctgcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgtggaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatgggtgag cagtctcccc 720
agcaccgcgc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggccc tgccaagtcg 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaagggca acagcccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa acaaaaggcg gtgccaacaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccattcttg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgtgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

45 cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttccggt 120
gcggcggaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc 180
tgcaggagcg agatggaggg ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cgccgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300
aatgggcttc ccaaacactc ctactggttg gacctctggc ttttcattcct tttcgatgtg 360
50 gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcct ttcattttac actttgttac 540
taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttctagcta agttcttaaa 600
attaaacctt ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaag catttgact taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaatgttt taagagttga tcaggggttt actatggatt gcaagtaata ggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg 840

gttttgagag gagggggggcc caaggtgttc ctgggggttg ccgagggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaaa tagtaatttc180
ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggctctgg gagggatccc tgtagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgccca ctgtcaacct cttcccatte attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaaa480
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctcgagccgt gggcagtgcc cgcaaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60
cagcgccatg gcgcctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg 120
10 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagggtgc cggccgacac 180
cgaggtgggt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga 360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420
15 ggcagaggga ctcgagtaa tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaaagctg 480
gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagaggggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600
cttcaaacag 610

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

gggtcatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgac tacctgccct ctgcactcga 60
gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120
tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180
atgtcagtgct ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240
ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttggtt cagtactttg gccctgggtt 300
50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360
gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420
ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480
gagaagcaga gcgagcccaa tgtcgccgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540
gcatgggagt tctgcctggc ccgcgagaac agttcaaggg cagacggggt ttttgaggag 600
55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

5  ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
   ggagacaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
   aagcagaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
   aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
10 ctctactttg aatcggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaagggt taactacatc 960
   ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
   aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
   cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
   gcccacccgg tgtcctgaag tcctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg1200
15 cagggtgggct ctcggggaag gtgtcggggg cccctagga gggagcgctg gggacattgc1260
   catgggacgg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
   cccctagagg agccacgtgc cgcccagcca ccttcaatgc ctgccacct gcccgaggat1380
   gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
   aaaaatgtac atttctgttt ttccttttaa taaacagggt tactctttat catggttgg1500
15 atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
   catattgaac aggcagattg gaaaagctat gggtcgattt ctcaagaaga atgtttagg1620
   cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tgcagggtag1680
   tgtcttacta aaagtttaga acagagacct agtggtgtgt ccaaggccgt gtcactttcc1740
   ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgctgggac agtgtgggg1800
20 gccaggagga ggggcggttg ctggtcctca ggcacgctgc actcccagcc agacatgg1860
   tttccgtttc ttaagtagca agttagggt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
   gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgc1980
   cctttttaag caggcggaag gctgctgttt ctcacgtttc agggagaggg gtgaccagga2040
   gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

50 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcatgagac 60
   ttgtataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgacct120
   tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
   tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtgg240
55 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaaacttct300
   cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcacatgc aaataaatgc360
   caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgcga gtttggagca aataagaatc aatataatct420

```


agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta180
caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atattttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatcttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctcttttcc ttgaaaagt780
aactttttta aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaagggccc960
10 tcttaagtca taatagccct 980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

ctgtttggca gggcgggggc cctcggaag atgggtggcg gcgcggcggtg tggtcccggt 60
cgctcggcca agtctcagcg cagcaaccg gccggcgtct cggtggcctg gagccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgccccccgc gcccggttcc cggcatgcct cgcgcccgta180
40 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccg agcagtgccc240
aagctgactc ggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgcagc accgccagt300
aatgccccag ccttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggat360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagacccg gcaggtgcct cttgagagcc tgccgctggc cctagcgtcc480
45 cgcctactcc ccgacttctt gctggagcgc cgcctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
tgctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgctgcagc tgggccctgg acctaaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgcccc tgaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc 792

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20
gtgggtcccc cgggttcgag cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
atgtcttggt tgtctggccc accagcccg cgcggccctt ttccgttagc gttgctgctt 120
ttgttcctgc tcggccccag attggctcct gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
25 tccgaccagt ctgggggccc tggcgccctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccctt accactgaag 360
attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaagggaac agggcggata cctgaccaac 420
tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaaag 480
ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgctt agaagacctt tcagaatcta 540
30 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgctgat accaacgagt 600
caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
gaatgaggca tattctcctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
cctggcctaa ggcacacctac caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840
35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900
ggacttcttt ttaatttggg aggatcttga ctggttttgc aacaataggc ctattattag 960
agtcacctat gacaaaaaat aggggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc1020
gggtccctt gtgggagctg tgggacgatg tttcttttc tgcccctttt ccggagcgtg1080
gggggccaaa ta 1092

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1523 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10

```
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
atgcaagaga tggagggtta cgtggagaac atccgcagaa gtttggggtt tttaattact 120
ctccatttag gacaccctac acaccacaac gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
15 tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgtcccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
20 caccgacgaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tgttcctctc atctctccca agcgccagat tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gaccatagag agttgcaaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag ccagcagatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
25 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaag cccaagccta caaaccagtc 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaaccttc 1080
acctcaccac ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140
30 tttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc 1200
tgggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggg gggcagccat tctcccccg aaacaccggg 1320
gctcaccgcg tcttcgcgcc aaacttcgcg ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccgccccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca 1440
35 gaggcgcgtt ttaccgaagg aggactgccc cggccgtgca gcggtccgt gtggaactca 1500
tcaagtaaaag tttcaaactg cct 1523
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5
cgccgccc aa ggcgcaga ag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
gcagaggcag agcccgggtgc cgagaccaag cgacagaccg gcggggctgg gcctcgcaa 120
gccggctcgg cgagctctcc cgacaccgga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg ccggtagtc aggggctcag gacgagatcc 240
10 cgaggcaggc tttgtctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctcgagg ccaagcccaa 360
gcggggccaa gcttccaaga agtccacaga ccaccccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
tgccatccaag gccgagaaga accgcgctgg ctccctcgcg cagtccattc agaagtatat 480
caagagccac tacaagggtg gtgagaacgc tgactcgag atcaagttgt ccatcaagcg 540
15 cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttccg 600
gctagccaa agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
caagaaggta gccacgcaa agaaggcatc caagcccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720
aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
caagaaagcc aaaaaacca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
20 aaaggccaaa ccagtgaac ccaaagcaaa gtccagtggc aagagggccc gcaagaagaa 900
gtgacaatga agtcttttct tgcggacact ccctcctgtc tcctattttc tgtaataaat 960
tttctccttt tttctctctt gatgtcacc accacctttt gcccccttct gttctgactt1020
tataagagac aggtatttga ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca1080
gttgtgcaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttataat tttgttttgc1140
25 tattaacctt cttacggggg tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt1200
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttggtc tggctagatg1260
agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtgagt gagtttctct1320
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtgtag1380
ggagcagcca gccggcaaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac1440
30 ctcccagtgg tgagcagtgg gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc1500
cctttcggcc gccctatttt cttagggaag gggagtgagg tccaagtgc agctggatgg1560
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtggctt1620
cagcaaattc tcttggttaa ccggagtga aacttcaggg gaagggtggg gactcagcca1680
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc1740
35 taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttctcctt gtacaagagg tgtccttgc1800
tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat1860
aagtattgt agctgcggga gggggagggg gagtggcg gacagtggata gtaagactta1920
ctgcagtcca tttggatttt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcattgtgt1980
tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagtt tcacacccgg gagctgggag2040
40 aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcacttg2100
cgcgcccccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct2160
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa2220
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 631 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60
ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactcg ccgtgggcct120
gtcgtgccag tcctgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagttcacg180
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240
tccaaggaga ccaagtcctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300
tgagccaccg ctgccagcac agagcgctct tccccctccg tgatccatcc atctccaggg360
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420
cagttcccc agtacctcca agcaagtagc ttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480
20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttgtg tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600
cgggcagctg cgaatcaggg gggtaccagg g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

50 ggggcccggga gggtagcttag ggccggggct ggcccaggct acggcggtcg cagggtctcg 60
gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggtctctcg120
ctgcagcgtc gggtagctct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180
ctgctgcctg ctggtgttgg ccaatgccc gagcaggccc tctttccatc cctgtcggga240
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttctgggtg ggcccaagcc360

| | | | | | | | |
|----|------------|-------------|-------------|------------|-------------|------------|-----|
| | acccagaga | gttatgttta | cggaggacct | gaagctgcct | gcaagcttcg | atgcacggga | 420 |
| | acaatggcca | cagtgtccca | ccatcaaaga | gatcagagac | cagggctcct | gtggctcctg | 480 |
| | ctgggccttc | ggggctgtgg | aagccatctc | tgaccggatc | tgcattccaca | ccaatgcgca | 540 |
| | cgtcagcgtg | gaggtgtcgg | cggaggacct | gctcacctgc | tgtggcagca | tgtgtgggga | 600 |
| 5 | cggctgtaat | ggtggctatc | ctgctgaagc | ttggaacttc | tgacaagaa | aaggcctggt | 660 |
| | ttctgggtgc | ctctatgaat | cccatgtagg | gtgcagaccg | tactccatcc | ctccctgtga | 720 |
| | gcaccacgtc | aacggctccc | ggcccccatg | cacgggggag | ggagataccc | ccaagtgtag | 780 |
| | caagatctgt | gagcctgggt | acagcccgcac | ctacaaacag | gacaagcact | acggatacaa | 840 |
| | ttctacagcg | gttccaatag | cgagaaggac | atcatggccg | agatctacaa | aaacggcccc | 900 |
| 10 | gtggagggag | gtctctctgtg | tattcggact | tctgcctaga | gtcagggggt | acaaaagtcc | 960 |
| | cgggaatttg | gggggccgcc | | | | | 980 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

| | | | | | | | |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| 40 | cacatgttcg | gggaccgagt | gggggtcaatc | ttctgggtgct | gcctctccag | gtctcttcca | 60 |
| | ggccgggtcat | agacgtactc | cctctgaggc | cgaccgatgg | ttagaagagg | tgtctaagag | 120 |
| | cgtccgggct | cagcagcccc | aggcctcagc | tgtcctctctg | cagccagttc | tccagcctcc | 180 |
| | tccaccctact | gccatctccc | agccagcatc | acctttccaa | gggaatgcat | tcctcacctc | 240 |
| | tcagcctgtg | ccagtgggtg | tgggtcccagc | cctgcaacca | gcctttgtcc | ctgcccagtc | 300 |
| 45 | ctatcctgtg | gccaatgga | tgcctatcc | agccccta | gtgcctgtgg | tgggcatcac | 360 |
| | tcctccag | atggtggcca | acgtatttg | cactgcaggc | caccctcagg | ctgcccattc | 420 |
| | ccatcagtc | cccagcttg | tcaggcagca | gacattcct | cactacgagg | caagcagtgc | 480 |
| | taccacagt | ccctcttta | agcctctgc | tcagcacctc | aacggttctg | cagctttcaa | 540 |
| | tgggtgtag | gatggcaggt | tggcctcagc | agacaggcat | acagagggtc | ctacaggcac | 600 |
| 50 | ctgcccagtg | gatccttttg | aagcccagtg | ggctgcatta | gaaaataagt | ccaagcagcg | 660 |
| | tactaatccc | tccctacca | acctttctc | cagtgaacta | cagaagacgt | ttgaaattga | 720 |
| | actttaagca | atcattatgg | ctatgtatct | tgtccatacc | agacaggggag | cagggggtag | 780 |
| | cgggtcaaagg | agcaaaacag | actttgtctc | ctgattagta | ctcttttcac | taatcccaaa | 840 |
| | gggtcccaagg | aacaagtcca | ggcccagagt | actgtgaggg | gtgattttga | aagacatggg | 900 |
| 55 | aaaaagcatt | cctagagaaa | agctgccttg | caattaggct | aaagaagtca | aggaaatgtt | 960 |
| | gctttctgta | ctccctcttc | ccttaccccc | ttacaatatc | ctggcaacag | agaggcaaag | 1020 |
| | tatctgaaca | agaattctata | ttccaagcac | atttaactgaa | atgtaaaaca | caacgaagag | 1080 |
| | caaagcaatc | tcctcttggt | tttcaggcca | ttcacctgcc | tctgtctcagt | acgtggcctgt | 1140 |
| | attagaatc | aagaaagatg | gtttgtgctc | aggctgggga | acagagaggc | acgctatgct | 1200 |

```

gccagaattc ccaggagggc atatacagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggagag1260
agtttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5  tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtc ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaataca gtcactagg ttagtggttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaac tatgatggaa ttctaattgtc attattttta tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cttttaacac1740
10 taaggttaaca tgacataatc ataccataga agggaacaca ggttaccata ttgggttgta1800
atatgggtct tgggtgggtt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctggtttttat tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaac ccccttttg1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaatgt aagttatata tattgtact2040
15 gatgaaaatt tataatctgc ttaacaaaa ataatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggtcg ttctttcccc ttctctttat tagtaaata atttatttt cgttctttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 398 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actggtccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttgagc ccatttggtt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tcaacaacag gagggtggag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtcacttg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctggtgg ggacttccct300
50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggcca aagagacttt gattttggca360
gatgccttg atgacctga aaccaccaa gaagccaa 398

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20
ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttgccca taaagcctga ggcggcgcca 60
cggcggagtt ggcggcttgg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacctt 120
ctcgttcttg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgccccg 180
gagccccag cgcaggcccc cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240
25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360
atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacgggtc 420
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540
30 agtccccgag atcctgaaaa cttcccatth gttgtgttgg gaaacaagat tgacctcgaa 600
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660
tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720
cggaatgcac ttaagcagga aacggagggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780
aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840
35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900
ttcccctctc ctcttccaaa caaaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960
aaaccccatc aaacacagtt acaccccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020
acacacacac acaggtttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080
gggg 1084

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```
taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60
gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaaag cagcaggggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgcttt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaga tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aattttccaa aagggtcttca cgttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cctttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccattggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttgttac 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagatttgga atttttagaaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggt aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttctctgcatc caggagatgc1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaacccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaatta1140
30 ttttgcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc cctgggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac cccaggatg ttgcggaggc 240
tgctggagcg gccttgacg ctggccctgc ttgtgggtc ccagctggct gtcagtgtgt 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtccactg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtcgggtgtcc tttagcccag tgccatcact ggagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggccggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccga 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggt agcaccacct gcgcctgtg ctctaccacc 660
tgcacccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggactgcctg ttcttgacg atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtttg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtacttcg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtgtgag gatgacgaca1020
ttgctaccag ggtgcgcctg gctgggtaga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg1140
acctcctggt ccgtacccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc1200
agttgtctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg1260
accctcgggg tcctcgggct cttcttgggc cagttacccc acctggttcc tcccaagcct1320
tccgtcaaga gatgtgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgccal380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttc tgtctacctt aatcatgaaa1440
ccgaattcat ggggttgat tctccccacc ctacgtcct cactgttctc agaggagtgt1500
gagggaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgatc ctaggagtcc ctgcccctag1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagccccc ccctcttcca tggagagaag agtgatctgg1740
cttctcctcg gacctctgtg aatatattat ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctggtcc1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatattat ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa1920
aaaaa aaaaaaa 1938
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```
5  caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
   tgaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgcca gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtgagg gtagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgatatttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10  aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
   tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggggtttc 600
   agcattgata tttgtgcatt ttctaacaag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
15  ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatt ggttccattc 840
   tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
20  catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaact ttaccaatca1020
   tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc1080
   tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgttc catggccgtg tagaagcatg1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
   tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc1260
25  tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc1440
   agtctgggag tggggaagtg atcttttggt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc1500
   tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt gggaatacct gtggtggttg tgatccctag1560
30  gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggaattc ccatccctg tgggaaatta1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc1680
   aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatt1740
   tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
35  tcaaaaaaaa aaat 1874
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

```
40  (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
     (B) TYP: Protein
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear
```

```
45  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
```

```
     (iii) HYPOTHETISCH: ja
```

```
50  (vi) HERKUNFT:
     (A) ORGANISMUS: MENSCH
```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```
55  RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
   PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120
   LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSR QLLYQSGTN PGQRRAFDCA180
   NESVLEDPNL MLAHEYWP 198
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKELLV VLDDIGISP60
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFVGVQRL IM 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPSK LQGFPRSRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

10 EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFIHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

15 (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

30 PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN 47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

50 LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60
ALNCLG 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWE CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120
VHFHSHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180
20 TWVASCP 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPCWGGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60
TFHTLQDCVC SGSPGCS SC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120
HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LSHSRQ 147

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNFQMHLL DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINE FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDMLT LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420
40 IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VFPVLLDGFL 60
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120
AEAPGKLNK DDKKLVNTDK EKILFQPTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120
PWPMShRLHF GAGKVSSLCL Y 141

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50 LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120
VQPITSYDAA GSFLLLGNN GSIYYVDVQK FPLRMKNDL LVSELYRDP A EDGVTALSVY180
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGV RVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGCSA GNDIGPYGER300
DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360

LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420
SPRISLTSLSH SASSNTSLSG HRGSPSPPPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLRPPTP480
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120
REELDRSSCG NVLFNGYLPF PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMNTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGGRRRSG PLRTSSWQRS 60
TKLPPPRRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120
50 CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15 QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180
20 DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNMVSVKK PQGHQKLRQG240
SLKKPALILE RRPPTWLPKA QQ 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40 CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSGKAG KPPCGATKRS IADSEESEAY KSLFTTHSSA120
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HVLVKQTLLP WVSLSFSPPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60
YLFQGSRLRKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFVSF IPFPGRIIRK120
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEKFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120
DDGIIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180
35 MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHC VH VLNL AQAGH CHRVEVGVPD60
FQGGH DGENY KGVLLIKCDF HHFD AVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEE NHQT RCQETKQD GQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60
DAISPGEFHI WELSN GFFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120
SSVGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

30

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

45

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

50

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120
LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGVOQLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTHELCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQA VSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120
QEGNDISAAL AT 132

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPO AEMASLNEPL VSLILLLV RV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60
FGAHFAV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 30 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60
CSVSCSFISV SRHE 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR QDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
25 MLSSAAVWLG SRRLTTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

45 SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIEENTTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120
VPCGPGTKNN KIHS LCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300
50 RCSPQKTVPG SLLLPGTCSG GTCDCGNFHF LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480
SVPLKTSSGG PDMDL 495

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLVSQEK GVLLKRKLSL 60
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYL DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120
KRFRVLKRGH KDGCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHVPLKE TTFFSAEHLF LELTEQVLRA120
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPFL EYIPRKRKGN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVVDK RVKQMKARQN120
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSQV QT 152

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFICFTRS LSTSRLVRMK 60
25 RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60
45 LALILARVGQ PHVLP SLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLA PLSGN120
VFQLRG 126

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHTHMHT60
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

35

ILISFKQRQI CAFTQAECEGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTHTH AHTRVHTRTH60
AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

40

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLG GGN HAYIFVCMQG60
LNIHG HILLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

25 TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60
FCSKTLVMGI F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 30 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFPQNK PNAIKQKKKK

100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AA EKAGMSAE180
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240
GEKWMGPIPP AVNARL 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVLSW 60
FFTFGVAFIS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120
TAVRKRMADK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGRSP GGLFPLSFM180
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALDTCQEG 60
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

40 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPQAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLISHIFAPS WQSVRAVTVQ120
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

45 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI KRNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60
GPTLRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEN TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60
RDATNDQVTK DAAEAIKKH VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPG PGKVEITYTP SDGTQKVTYL180
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEYH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSAQGYGSL300
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRKLDN360
NKELAFFANA LEEVSIEITIE AGFMTKD LAA CIKGLPNVQR SDYLNTFEFM DKLGENLKIK420
LAQAKL 426

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLRLNPN KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSPNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGKVSARE VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTVISEA TAGQTRAWAW 50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPRT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSEFWRWI60
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD 53

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIKQVDPQL120
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

10 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFISFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPQCL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60
NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

20 LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
25 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

50 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15

FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

20

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

35

KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

40

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWKAKI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60
NDGVVNW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

45 QAGKRALYKH TQNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLGRRLRG DRWQSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120
LKKKIFAQLD SIIDDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVKQ CIVAHPVNPP YYIPLVELVP180
10 HPETAPTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQILKCNQA EKEKVKISRL SAQVAGNRQP 60
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTPKA60
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCGPNE AMVVS GF CRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLT LN VKSEKVYTRH 60
GVPI SVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120
HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

DGDP MASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAE PG DHHGLIWATS 60
EKHGSGWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAA PRCC 118

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60
AEREGRALSE MLLPFQKKKG GGGKCLGVPG KDETSRGTSI QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSYR LGLASQSTLC60
PACHCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHMILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60
IWLEDFQETA VPVRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60
VHGEEGALA PLLSHGQVHF LVIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120
LEESIRDNF VIVYELLDEL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKQSV A NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGS AKYVPE360
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420
50 IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDLIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENFS MTDSIQISGL TWVLRDYDMS120
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45

(A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

10 MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVWVAADRQ AALTKLRYSL120
RQYNIVGLPT NIDFLLNLG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLSRKAAAK ESLCQAALGL180
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEFEEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYG IVFTIFKSHV 60
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLEDETQG CLA 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLPLP AAGRVVRRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AAAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180
YGGSDQEAQW KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

10 CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GOLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KLSAFQITI60
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

15 (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180
35 LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISSLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY AD SGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60
45 EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKE FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS

48

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESL60
ESFSPTA 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPakNR EVAGLKTLsv TFQFLKHHcy LLKVVGlcIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGgYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60
QFSKSIYYs 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

```
QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDGG ADLHNATNLR180
SRSLSGTGRS LVGSWLKLN R ADGNFLLYAH LTYVTLPLHR ILTDILEVRQ KPILMT 236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

```
DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNPQA VSVPVGHRTV PGRVLAEEQ SRWKLP SLCT 60
LNLRHVAAAS DFNHRPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLPSAYL STATGVCDGT120
PVLEPQPGEA TRLPGP GPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

10

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60
LSDPVPGHLP LEGWGEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP GGCVTCRHS120
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLERLV ADGALKDDPL180
ERVGFVTSHQ LHTDHLSPFT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60
35 EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPVWG120
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

40

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PPCLGARSPP TALAHDVHGL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60
HDEICLMHKN S 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIHND MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PILLTVDAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDSGIVGPQ PIDFVPNALR 60
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDV180
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGFM D SPWGSSTTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGNG GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120
KSKLGFINDW AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180
GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GESHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

TRTRSPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCNVQAE PSQNYNYNQH 60
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120
QGKLLPPLGP PALWQAPGP L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60
KVKHPRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNSGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120
EGRSSK 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

40 YVLNTIIVGK GEEKIPHLPL RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTNRPNY HQSSLLQHPN 60
RVPGSSVPSA PEGKVPGSLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120
R 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60
QIWL MAGSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60
NGCIPFHDPT CVY 73

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRLDENDP SVPNQANRQ 60
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSEKISQE NVGSGSLSWK60
EGAEGS 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60
45 KRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAATAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEETPGP GRRLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLLVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALGPGGVSM D EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60
SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60
PRSLVVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHGFCT SSASVLVGVP120
VSPGPGWARA 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180
RLCSPVSMV HLA DMLSFCG KKVVTAGAI I PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240
EPGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDRCFS GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120
AVSSQVHETK SCV 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60
DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFW RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240
SWELRQTLVS VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESrvYVDI TTYNQDNETL300
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPPE EAPPVPFLHA360
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPVPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420
5 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPRSSCPVV120
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

45 AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRLNLT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180
50 KESKEQNFGY SQESIIALCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240
GESSSQNTNV LNSLEDLKPF ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300
TDLILADFLS SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360
EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTDGRKWE420
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTG KYGIFQYDGP480
55 L 481

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FTHISVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFSSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSTILV 60
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120
RPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

40 ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSHE60
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60
IEAHEQGKDI DLNKVTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAPP QYRKVLMPL KAKPIRTASG120
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGIEQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLVFTLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60
FRFCLISAPP 70

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLGVF NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTGYS EPTSMRSYSV PDMDPPFYRT RTPD 114

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSEPC SWASISCLIT 60
SPIVSISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNQ NQVPPRAVYT60
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPPFF60
WRGPIGIVRP WSGSL 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA 28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFIHLIILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSCL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVLFSLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15 KNLEFFSPST SYLLQNSSE GFIIYILSYE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120
LLMGGQQTII SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240
10 RRGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW QGGFRLGDQ 279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE:106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGGEPIA 60
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRLIGV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 207 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLEPNRLE LKKGYLTLSD SGDKVAVEWD KDHGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180
PRRASQERYE EGGRAQGRQ PAAERLP 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60
RKDDERKGAN LLLSASPDEFD DIAVSHVGAV VPTHGFSSEK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120
RVASYIMAFD LDGRFLLPET KIGSVKYEI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VGTTAPTWLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRLV HHTRSGRPL LAQAAHVQTL120
VLHCQPFGLA AFLHGAVAVG QNHGPHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAABKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNFQ FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
5 YVAIIIVW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- 10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPK 60
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNFQ QHPAAHGVLV LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120
HRGTEKLEIY KTYLQALPYF DRDLYVSMC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180
ITRLNLHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240
PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300
30 GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPEI360
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- 35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

QPSVHEHTHT HTHHTHTQTR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60
NDICQHVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGLSLNG SICGSWRNLV120
55 ALSIQLKVMN Q 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVOGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60
LENTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRDPESRT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120
HNSTPQILSP GHRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYF 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60
TENWIFLRLSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARSMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60
GGTPTTFPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKLYEAGFS QHGMIGVTQP120
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVG YQVRF DDCSSKETAI KY 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60
GGEHVHRSE 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60
KRKGMSFPLF DKKQPVMSKG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDPPTSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60
LHMFLQDEII DKSYPISKIR HA 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60
45 NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRRYSDFEW LRSELERESK120
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLRRLGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLLPVAVGT RARA 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35

RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VQALKELILH NPVTLKLQES QLPGPSQQLQ 60
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120
LRSRCHIIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTE QFHLGKIEEL LSGENRGPI240
LPYQFRMEEI EGFYRRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRDS LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSLLWEGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRs 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

FFFFFFFFFG AAKIFILLSR GKMPAWKCQG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60
PVLHNVLSSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60
TGSLAP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFPGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHMOV TMKHRTWVLG SYGTKWLNRF60
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKRSKS120
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180
DTQSN 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVNDF120
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLILCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180
LS 182

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60
LQQFHRNGTD LLDQMOMHASA TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHS AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKL MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQA 249

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

15

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

20

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

40

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

GRWRRRLRHG RGSAAVGPPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CTVVKEKLE QAESLLSEPM120
VHELVLWQQ NLRHILSQPE TSGSGSEKCTF STSTMDGDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180
EKWASDLRLT GRMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCQ HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- 45 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPRTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120
LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSEFHN ILSIYVGQES YWPLMPMFIS HRTDTRWFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60
SHGRRHVQPG RLLQLQVGTF EH 82

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIIYHQC IGFQFRKDL E SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGP60
FHNSSGAFSP ILFHTTITL 79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60
HGWEVFFLAR 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60
YKGLWMDCVT QSTGMMSCM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120
CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHA E HGDELQNV R LGARPVRGLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWS PATAGPNWPF PPSNTGGAG RGDPTVKQTT 60
LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFPGGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIRREGGS120
RQNWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

- 10 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

25 NLTQVTFLFF CPPNVHASR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRILTTP60
VFLVSLWLY LL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- 30 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNWVGTEKK KCNLSQVSHT60
RQVLLREQI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15 KRYNQRETTT RTGVKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35 SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120
GATNAGKSTL FNTLLESYDC TAKGSEAI DR ATISWPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEON QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300
VPTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITS LDRA DALYQKHAGH360
TLLQIPMGKK ERMGRISSC C 381

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSLPRTMT 60
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120
VMQMLKKS WT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRS DL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSLRYDAV LRGPMDSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTSMDIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDFPI THTLSPVQGA CLLLVCAGSG FKELAEGGPH 60
35 LGDHVGGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLLKAAPTS AIMSEVVVER 60
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRLL120
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLLNSTWL180
GVSTAFR 187

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDS GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK 40

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP 34

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

15 NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

35 RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYI 60
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120
QFK 123

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTTRL HCGLEIQGCQ 60
RFLLC AFLIS WLP GGAGCH SPL LWPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120
F 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRRRCR 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60
FSQGSNGL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

20 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

45 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPVFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60
NGLWYVMQV VQLLDPRTSE FTAAFGVRLV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120
30 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGGYEGK180
VSSVALCKLL QHGINADDKR LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240
LKLIINELSN VMGG 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- 35 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRILIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGRLCFH240
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- 30 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- 50 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCR N60
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60
SWNEVWVWTE YQGWSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRITYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSPSPAPP60
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP

97

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSLVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFGGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLNFHFSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60
I 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPVFY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVVVKQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSFMY60
YTKM

64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSDF ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60
NLC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

5

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAO RHNLQGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60
YVG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

30

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLLHKYV LTCPMLGMR KIIVIDKT 88

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15 LTVVYTVFYA LLEFVIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIIVSVR VAINDTLFVL CAVLSICLY KISKMSLANI180
20 YLESKGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240
QLGDAGYVLF GVVLFVWELL PTLVVFYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRLHRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRITQIP VAPLPGLPLH120
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

15 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGAFVST240
LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

40 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCR60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

25

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60
KN 62

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IASRSSHV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVF PDPHPSFWLF TRIHRLRSWG QCYVPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

25

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

40

TLNPHKTLISA KKRVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

45

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60
EGQILWVVG D N FVLTYVIL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

SMPFQFGTQP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60
TVVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15 GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNVVKES PDVIISGCHR60
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLCLKHRG LKNVYHSIFI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE:31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNLIK KYKAFKNLTH HLK

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLN GKLASNFFKY60
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TFWSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVERTSC PTWLPGAQGF60
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

10

SRWNSHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHGQAPEM 60

PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120
AMSHASGVKT SPDPRQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180
DTCVSGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD300
5 PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLPRV SCYPTLSLLL FLPFQSWLLD DWLLYLLFGL HLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

- (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSAPA120
TPLSLSFLLL LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180
LLSMDLEGL WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240
LASLASQNGG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPEFFF FFFFTRGISG360

ACFWATLLEG DVALKGETSA K

381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSLQS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFF QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLPLT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60
RSVNKSWNPL MMKCLQLI

30

78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDS RDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60
PEEKCCQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120
LSCMQ

50

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60
GNVRHGSAAE RRAPPPTQA 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60
SILRMEI 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPH TH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGT S FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIQI SILRMLQEW60
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60
50 IFEEDTPSVM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

•

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5 PITTCSLGDG GKDKYTCTHR GRERCVRQIC INILFSPHDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60
 LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGA60
GIAPVPOASR VGR 73

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

35 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMTVVISS60
RKDISKE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTINLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESQSSN60
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLISA KKRARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNMHS VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWSLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKKERKF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60
EYFSK 65

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20

- (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIP LG180
40 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPT LADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWF LDRALY WHFLTD TFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKKNKIVIP KKKGPVQ PAG360
GQKGPSGPGS PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTL LLSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFY KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRLDTRRKRCRLNFIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60
DLPRPLRSRE FPQFEPQRY P ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGLKTSN LPEELRKVFI240
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISP300
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLF PNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20 SSSGWRVARG SRHSSWGRRRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSGEVLGVTH GGEGQGPFL180
25 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60
PQTWPLGSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120
AHAPS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60
GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60
VPKTTT 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAFRIRESD MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFVLVFN 60
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTNI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIP LG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVC LVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FKSKNKIVIP KKKGPVQPAG360
GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40 RSAGGF SMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTFPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSPPVT KINICIYNLY120
YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60
RFRL 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

30

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60
45 MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFGNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

35

RVSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLP AF TGTGPEGGQG60
MEEGV LISGS FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGV C RNWLISVCQS60
DQHTKVS AIK NVAS LHPPSC YSGPSNLM 88

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- 10 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

25 SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWL RMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60
PVLNSDCIIN TIKRDSEMG S RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

- 30 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

45 AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60
HPMTTMRALA VSAHAH SCTP MAV 83

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15 GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTPFPPKF 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

5

VSSCTSNHGV RSSLSGGEHK CTERDVLVRT TKELPSLSLT QAMCTDAAE CAGVGGGHVA60
PPEHFLTGKL GDPLLNVFVE IRTVSFT 87

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60
50 GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNLSLGS KVGHSSMHR 59

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKEWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDFRTG CGAVKYFRPR60
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCNV LNLSDHYYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60
GNTSNAYPLL ACYAACTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLNSL VIVFRLEMP TLVINITKYN VFLGRHFIKC60
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

50

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60
TVTVT 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60
ITSSYRIPSS LMSCPQY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60
FFF 63

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSL RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60
DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45

DLPPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60
LTGGAGPSGA ERSSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

50

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQQRFSPTE IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEEAEEE 60
GTADQDNRC PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQDDLEHSS QGKETSNSQ120
EDKHLGSTEG EEGEDTDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180
QRGLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPFMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDPL SASVWRQLYP 60
KHLSSQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120
KGLLQQVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60
GLNGFLQRLI YLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

30

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVMI KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG QQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240
STADPSHQT PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNRHEHR300
5 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGF I PTALRLGRPI120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMASS LTLISIAINE TSLMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60
50 CKSFTDFSIF GPVTPRSafe GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDLSFSQ PFMLCR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

55

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGG RQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

40

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPCIPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

10 GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

35 SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQOPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60
TPRRANINVP HA 72

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60
AATTCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

5 TACATTCACT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180
GTTTTGGTTT CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTCGTAT GTTCTTCCAC TTCAGTGAAA 240
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTTACTGTG GTTCCTGATA 300
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
10 CATTTCATT CCAATCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
CCAATCCTAA AACCCTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
TTGCTTATGA TGAAGTGGG GTGAAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
CTGGACAGCA GGTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
15 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAACCTG 780
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
TGAACAAAAC ACACCTAGTG AATGGCATT 10 CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900
GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTTGGC ATCGTTGGGA 1020
TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTCCCAA TTGTGTGTCC 1080
TGGGCCAAAA TGCACAAACT ATGGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG 1140
AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT 1200
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT 1260
20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT 1320
GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA 1380
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC 1440
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT 1500
AACCACATCC ACAAAGCACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA 1560
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG 1620
CTATTACACC AGTTTTAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAA TAAATTTAAG 1680
AAAACCATTT TAAATAATGA AAGTTGG 1708

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

55 CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAACTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
AAGAGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
CAAGATTGGT TGGGAACTGA CCAAGATAAC CTTGATTTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAACCTG GAAGCAGAA CACATGCAGC CCAACTACAG 240
ATTCTTATGG AATTCCTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCACG TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
5 AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCAGTGTTA TTTTATGGGA TGGATTACACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAAA1140
TTCAGCCCCT CTTCCAGATA CCATTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AAACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCC TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAAAATTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAATAAC1440
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTAGTGTCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTTGAA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTATCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920
ATCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980
AAAAAAAAAA AAAAAAAGAA ACAAAAGAGA AAACAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTC CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAA TATAAGT 2128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533
- 55 CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

```

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTT 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTCTT CCTGCTTCTT CTTCTGTCCAC 420
5 CCCCCTCCTT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTCTTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAAC1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTTCAGA1440
GGAAAGGGGA AACAACCTCA ATCACATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCCTTG1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
25 CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA CAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAACCTAAGAA GCATTTGCAA2220
35 ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAGC2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTCAGTGG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1245 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

10 TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTACTGAGCA GCGCCATGGA GGACTCTGAA GCACTGGGCT 60
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCC GGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTCCG 120
GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180
CTCGGGCCCG CACGGGCTCC GGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTTGTTCTTG 300
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360
GTGCTCGGGA TGTCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480
TGCAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCGTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540
ACCTTCTTTT TTCCTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTTACCCCT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCGG GGCAAGTCTC TGCTCTTTGT CAACACTCTA 840
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTTCTTG GAACAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCTGGA ACGCACGGTC1080
GTGGCCCTGG GGCAGTAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140
CCCCCCAAC CCCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

55 AAGATCGGTC TTTGTCCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60
AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240
CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTC TAAGAGTCTC TGTTTCCCCC TTTTTCCTT300
TATGCCTAAT TAATAAATTC CATTTTCTC ACCCTTCAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360
TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTCAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420
5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCCT GCGTGGGATT GTGGAGGGGT480
ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540
TTGATAGCTT TCTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600
GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA AACAACTTTT GGAAGCTAG CCTTGGTTGG660
GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATT TGTATCATGA720
10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCCACAATT GCTACTATGA780
CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGATA GCAAATAGCT CG 822

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2703 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
30 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTGCGTGC TCCTAGAGAA 60
TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTTCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGCTCCCC 120
AAACAGTACA TGCAGCTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCTCCTT 180
40 CACTTGTACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCACAN GCTCTGATGA 240
TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGA CTCTGTG 300
TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360
TGA CTTCNT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTTGCTCCTG 420
GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTC TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480
45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540
CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTNTATGT ATCCTCTTCC CTTCCCTCC 600
CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTTGCA GAGACACCTG AGAATNCGAT 660
GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTCAGTNGC AGGCCNAGCC 720
TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCTG GAGGCTTTNG GNAGTGAANC AGNCCCCTG 780
50 NGGNTCTGG CATCTCAGT CCNTATTTT GAGTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGG 840
GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGAGCA NTGGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900
CTTNATTGT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960
AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNTTNNAAA ATCACACCAG TGGNCTTTNG1020
ATGTTGTTTC TGCCCCGCAT TNGTATTTTA TAGGNNAATA GTGAAAACAT TTAGGGNACA1080
55 CCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAAGTC1140
ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATTGGG TAACACCTG1200
GGAGTTTGTAG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260
CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGG CTAGTGNA GA CCACACANGG1320

GGTAGCCCN AGCAGCAGCA CCCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380
GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNNGCAGG AGCTCCCNAG1440
CACTNNGNAG ACCCACGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTTCNTGAGC1500
AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560
5 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCTNAGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620
TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680
ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740
TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGTCTN GCACCATAGT AAATGCCACA1800
AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860
10 TCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920
TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNNGCN TCATAAGTGC TTTTNGGAAG1980
TCACCTACCT TTTTAAACACA GCGGAACAN GTCCCAACGC GNTTGTCAA TATTCCCTN2040
GGTAGCCTAC TTNCCTTANC CCCCGAANTA TTGTTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100
NCATNGGGTT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNGGC2160
15 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220
CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCCNATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280
TCTGTGTGNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAAANGTN AGGGTGNGAC CNAAANGGAG2340
GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCCTA2400
GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTCGGGN2460
20 AANGATGCCT TTGNCANGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520
CAAAACAANT TTTTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580
TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640
ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700
AAA 2703

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2664 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

50 CTCCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60
AGGTTCTCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120
CATCAGGGTC TGGGGCACGA GCGGCACGAG CCATCTCCAT CCCCAGGACA TCTGTATGAT 180
TCAGAAGTAC AACCACGATG GGGGAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240
TGTCCTAAAG GAACCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300
55 GGAATGTGAC TACTTGCAGG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360
GGTAGGCGCG AAGGCGGCAG AGCTGTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420
CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480
ATTAAACACA GCTTTTGGTC TCGTGACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCTT 540

5
10
15
20
25
30
35

GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTTCT TATCGCCTGT GTTCTCTTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CCTTGGCTCC 780
AGGCCAGTCC CTTCTTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCCTGCAG GGTGGCTCCT CCTTACCCCC1080
ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCAGTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAACCT1260
GACTTGGCGC GTGGGCCAG CTTCATGGAT GCTGGAGTGG AGCACGATGA CGTAGCAGG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGGAC1380
TAAAGTCCCC AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCAGTGCTC TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACCTC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTTC ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCCT GGGTCCTACT1680
CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCTGGC CTCCTGCTCT CCAGATCTGT AAACCTGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACCTACC CCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800
TTGGTCTCTG GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTATCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
TCAGCAGGGG TCTTATTTCC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTCAGCTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TGCGGCCTTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGGCC TGTGTTCCAC TGTCTTTAGC CAAACCCCT2220
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCTCTG ATGGAGATTC ATGGACAGGG2280
CACGTCTCTG CTCTTGCTCT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGTTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCACCTACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
CTGGGGGATG CCTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTC TGTA 2664

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

GAATTCCTCCGC CCGGACTGAC GGAGCCCACT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60
5 ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCCG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120
CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCCGCTCGC GGAAGCTCAT CCTGTTCATC 180
GTGTTCTCTG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240
AGTTATCTGT ACAGCATTAAG GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300
GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCTATTA TGATAACTCG 360
10 ACTATGGTCA CCGGGAATGC TACCAGAGAC CTGCACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420
ATGGTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480
AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540
AACCCTTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600
TTCTGCATCA TGTGTTGCTC AACAATTATG TTTGCCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCTCTG 660
15 CTGATTGCCA GGTCGCTGCA GGGCATCGGC TCGTCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720
ATGCTTGCCA GTGTCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCCTTG 780
GGAGGCGTGG CCATGGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCCTCG GGAGTGTGCT CTATGAGTTT 840
GTGGGGAAGA CGGCTCCGTT CCTGGTGCTG GCCGCCCTGG TACTCTTGGG TGGAGCTATT 900
CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAGGG GACACCCCTA 960
20 ACCACGCTGC TGAAGGACCC GTACATCCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAAC1020
ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080
CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCTTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTTGGAACC1140
AATATTTTGG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200
ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CATTPTCCAA AAAACATTTA TGGACTCATA1260
25 GCTCCGAAC TTTGAGTTGG TTTTGCAAAT GGAATGGTGG ATTCGTCAAT GATGCCTATC1320
ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380
GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440
GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGCCCC1500
CTCTGCTTTT TTCTTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560
30 CACAACCTGC CTATTAAGAC AAAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGTC ATATCCGATA1620
GGTGAAGATG AAGAATCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAAGTGT1680
TAATTGTATA AAACAGTGTT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAACTGTCT TAGTCATACC1740
ATCCATCCCT GGTGAAAGAG TAAAACCAA GGTATTATT TCTTTCCAT GGTATGGTC1800
GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTTCTAG GGGTTTGTAT AAATAGTGT1860
35 GAAACTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920
GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAAACCAA TATAATTTT TAACTTACAT1980
TAACAAACAT TTGGGCAAAA ATCATATTGG TAATGAGTGT TTAATAATTAA AGCACACAT2040
ATCTCTGAGA CTCTTCCAAC AAAGAGAAAC TAGAATGAAG TCTGAAAAAC AGAAGTGT12100
AAGACAGCAT GTTATATAGT GACACTGAAT GTTATTTAAC TTGTAGTTAC TATCAATATA2160
40 TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG TGTAGAGGAC AAGAACTTGT GTCAGTTATC2220
TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTG GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280
GTTGTAAATT ATATGTTAAC ATGTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340
AAAAACAGTA AATGTTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAACTAAA2400
AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGCTCT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGA2460
45 CCTTATACTG TCAAGGTTGT TTAACATGA TAAGTTAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTT2520
AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTTT2580
GATCTGTTTG CAGGTCATCC AAGTGTTTTC TAGGAATATA TTTATTTTAG GTTGTCTGAA2640
ACTACTATTT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700
AAAATGAAGA ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760
50 AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAACTATATC ATCCAGTGTG2820
CAGTGTTGTG TATTTTCTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTTCAGT GTAACAGCAA2880
ATACTGTTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTTTGTTA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940
CAGTGTGGAA GTCTCTAAT ACTACTGAG AATCCTGCAG TTCTATAATC ATAAACAAA3000
ATTACTTAGT TTCGTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTCGACATC AAGGAGCAA3060
55 GAACTTTAGA ACAGACTCCT CAATCTTGTG ACTTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120
CGTTTCATGA AGCTTTCTG TGGGGCTTCG ATTATTTCAA GTCTGGTTTC TAAGTGCAGT3180
GTGTTTGAAG CAAACGAAC TCCAACAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAGTC3240
TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300
TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAAGTGC TACAAATTGG TTCTCTTTGA3360
60 GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCATAACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTGCCT3420
TTACGGCTCT GTGCTTTCT GCAAGAAGGC CTGGCAAAGG TATGCCTGCT GTTGGTCCCT3480
CGGGATAAGA TAAAATATAA ATAAAACCTT CAGAAGTGT TTGGAGCAA AGATAGCTTG3540

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600
GGAAAGAGGT GTTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660
ATTTATTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAAC3720
TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780
5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTTGT GCCTGTTTGT ATTCCTTTAT3840
AAACCAAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
ATGGAAGTTC CTTCCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180
35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240
TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360
GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
GCTCCACCG CCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
40 GCCAGGCGCC CGCCAAGTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540
CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
TGGTGAACGA GAACCCGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020
AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080
50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCGC1140
GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200
TGCTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260
CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTTGTGG1320
CCCTCAAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380
55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440
TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500
AAGAGGAGTG CACTTTTGTG TTGTTTTGTT CTTTTTGGA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560
TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACCTTC1680
AGGCATTGAC TCAAGGCTTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740
TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCACTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800
CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
5 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040
GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
10 AAAGCAGTTT CTTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220
TGTAAGTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GGC GGCTGGT2280
GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCCTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400
ATTTTTTATT CCTGCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460
15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520
TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGT2580
GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640
GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700
CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAGT CAAGCACAGC TGCAGGAGG GCAGCGAGGA2820
GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT3000
CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
25 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTGCGA TTACTTTAAA3180
GCTCACCTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTG CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCCCTC3240
CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGAGTGTA AAAACAGAT3300
GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

55 CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60
TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120
ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAGTAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180
TATCTTGAA CATTATTTTC CAGTCCAAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300
TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360
TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420
CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480
5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540
GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600
GTGCCCTCATT TGCCATTTGA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660
AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720
GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTTC780
10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCACT840
AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60
TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120
GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180
40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTCG AAAGAGGACT 240
GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300
TGTTCTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360
TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTC TCCTAAGGTT 420
TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480
45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTTGTCTC 540
GCCATCACAG GATCTTGGA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600
AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660
CTCCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720
AAGCCCAGGA GAGCCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780
50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCTCTC 840
CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAAA AAAAAA 900
AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAATT ATATATTGTT 960
ATGAAGCACT TTTTACCAAC GGTCACTTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020
CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080
55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTTA AAAATGCTTT TTTGTATTTG TCCATACGTC1140
ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200
ATTGCAGTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGGCGCCTCG1260
GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGTCA CAGCCTCAGT GTGACTCCAC1320

AGTGGCCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCCT GGTTAATTTT TACACACCCT1440
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500
TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTC AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560
5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680
ATGTTTCTTT CCCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740
CCATGTAATT CTTCAATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800
GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCCAGTAG1860
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
30 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GGCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CTTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
45 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
50 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
TAACCTTTTAG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTATATG GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
TATAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAATAATTT AAGTTGTTTT1440
CAATAAAAA TTAATAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500
GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
5 TTCTCATTC TGTAACTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTCCATCC1620
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
TTAAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1009 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60
35 GTTACCCAC CAGCCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120
TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180
AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240
GGAAACCCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300
ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360
40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCAA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420
TCCCACCTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480
TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACCTAA ATGCGATTCC 540
GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600
GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCTA 660
45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720
AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780
TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840
CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900
GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960
50 ATAAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

```
20  CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60
    ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTTA 120
    TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACTCGAG 180
    AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240
    ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTAAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300
25  ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360
    TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTGACTGCT CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420
    AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480
    CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540
    ATTATCAGGC TGTACCAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAAT ATTGGAGAGA 600
30  AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660
    AACAGACAGC AACAGGATG AGAAATCGAC TCCAGGTCTT TCCTGAACTG GAAACCAATG 720
    CAGTGTTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780
    CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATTG TAGGATTGTG TCCTAGAAAAG CACGTCTCTA 840
    CTTTCATCAG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGGG TCTGGAAATG 900
35  GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTCATTTCT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960
    TATTTAGAG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020
    ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080
    AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140
    ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200
40  ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCCA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260
    ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAAACA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320
    TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTACTC1380
    CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAGTGTC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440
    TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500
45  AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560
    TCTTTGACTC CTGGCATTGG CCTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620
    TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680
    AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740
    CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800
50  CAGCTCTTCC AGGACGAACT CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860
    TTTTGTTAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGCTAGTTG1920
    TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACAA AACAATATAC CCTGTATTTT1980
    TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTAC TAGATTCTGG TAGTGCATTT2040
    TGTCACTGAA TCTGACCTTG AGAATGTACA TTAATCTTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100
55  TTGTTTAAGA AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160
    CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220
    TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACTATT2280
    CATAATGATG AATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340
    AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTTATGTG2400
```

AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGCTCG TGTTTAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTTCT CCTCCTTTCC CTCTTATTCC2520
TCCTTCTCCT CTTCCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580
AATATTAATA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTTCGCC2640
5 ATATGATGGT TTTTTTTT CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700
AAAACAAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAAAAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760
TGTCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2319 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
35 TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACAC GGTGCAGGCT 240
GCCCTGTGAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
45 TGNAAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780
TATTTCTGTA GNAAGNNTT AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTGG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACTTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCGTC GTCCTGTCCA 960
50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTT TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020
TGCTCTTGTA TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGNNCC TAGANGCACT1080
GACTGTTAAC ACAAAACGTA CTAGNCAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGATA ATAACCCTTG TCATTTTAA1200
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260
55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320
AGCAGATTAG GNTTTTGTG NNAACACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500

5 CAGTGTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNTT1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620
AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680
CATTAAAGGT TGACTTGAGT TGGTTCCTAG TATTATTTAT GGTAATAGG CTCTTACCAC1740
10 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860
AACCCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920
CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980
CAGGCACACA GTCAGTGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
15 TTAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTTCCA2160
GCCTCACTTT GAGTCTCCT TNGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAAATGTT2280
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2456 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCAGTG TGGCATATCC 60
TTGGTCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGCTGCT 120
ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAA TTCACAGCCA GTGTGGTGTG GCCTGACTCC 180
TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCCT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240
CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300
45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTGAGG CCTAGCTCCA 360
ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAAGTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420
AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATTCT TTTTGCCGTA CTTCTAGAAA GACTGGAAG 480
AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTT CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540
GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600
50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660
ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCCTACTT GGTTCCTC 720
ACCCCAAGCC TCATGTTTAT ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780
CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840
ATTCAGGGGC AACCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CCAAAGGAC CAGTAGCATA 900
55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCCTATA GTGTGGAGTT 960
CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAAT AAGAATAGTG1020
GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTTT CTGCTCAGA GTCCCAGAGA GGTAGAAAGG1080
AGGAATTTCT GCTGGACTTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCCTGG GTTTGGACAG1260
CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGA CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380
5 TTCACCCCAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGAA1560
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
GGTCTTGTGG TTTTGTCTCTG TCGTGACTGT CACTCAGGGT AACAACGTCA TCTCTTTCTA1680
10 CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTA GGGGCTAAAA GTGTGGCTTA1800
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
ATACTGTTCA CTTCACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
TGCCCTCGCTT TTTCAGTCCA TAAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTTGCAG GACTTACATG1980
15 AGATAATAGA GTGTAGAAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTTCAGT GATAGAAAAC2040
ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100
CCGCCCCGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCCTGAA2160
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCCTGCACT2220
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
20 GGGGCCTTTG TCGCTTCCTC ACAAGGCACA AGTTCCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCTA GACGGTGAAA2400
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTTGAC 120
50 TGTTCAATTG ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240
TGTTCAATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCCTCA AACCTGTAAG 300
TTTCTCACTT CTTCCAAAT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420
55 GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAAGGCT 480
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGCTTGAC TTGAGTTTGC TGCATTTTCT 540
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCCTCC 660

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTT ATGGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG 1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG 1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA 1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG 1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTT ATTTTGCCTT CTACTTGC GC 1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT 1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAACT GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT 1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAAATT GCTATTTAAG 1440
TGTAAGCAG TTTCTAAGTT TAGTATTGG GGGATTGGT TTTATTATTT TTTTCTTTT 1500
15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTGC 1560
AAGCATGTTG TTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAACAGTT AAGAAGGAAG 1620
GCAATTATAT TATTCTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGT GAGTGCCTGC TATGTGCACG 1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGT TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA 1740
GTTACGTATT GGGCAGATAC TTAGTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT 1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTC CAGTTTCTGG GAACGAGAGT 1860
TAGGGCCATT TTATTAAAA GAAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA 1920
CGTACAAGCC TTCACAAGT TAACTAAAT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA 1980
ATTCTTGT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG 2040
CTACTATTTA AAAAAATCA GAAATCTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAACTATTTC 2100
25 CTGCTATTCC TGTTTTGTCA AAGAATTATA TTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG 2160
GTCCAGGAA AACTAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTGT 2218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGGCGGC CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCAGCAAC ACTCGCTGCC GCCCAGCTG ACCCGGCCG TGCCCCCTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCCTCACCG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGTGCTCT TCGTGTTCAT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCCTC CCTGCGGACC GTCCTCTTCT CCTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

```

CTGCAGTTTT TCACCTCAC GCTGATGAAC TTGTA CTTC A CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCTCCCTC 540
TTCATCAGCC TTGTTTTCT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAAAGTGA CTGCCATCGG TGTCACCGTG 780
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCTGCTAC AACCTGTTCA TCCTGTCATT TTCTCAGAAC 840
AAGAGCGTCC ATTCCTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTTATTTGT TTGGGAACCTC 960
10 TTACCTACCA CCTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
AACCTGGAA TGTCCCCAG CCATGGATTC AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCT1080
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
GGTTTGTCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
GGAAGCTTGC AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260
15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
TTTTTAGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCCA1380
TGGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
GGAGCCTTGC TATTTCAGTG GGTATAATTT AAACCTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGT TTTTTTTCT1560
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATCACTTTA1620
AAAAATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATCCACAA1680
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
CTAAAATACA GTTGACAACCT TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTAGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCCTTTTCA TAGGGCGCTA1920
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAATAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCA TAACCTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTCA2100
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTT 2196

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549

55

```

AATTAAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAAACAG TAAAATTTTG TTTTGGATTG180

```

5 GTTTCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240
TTGTGCTCTA TTAAACTGGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACCTG360
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTCAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420
TTTGAATTTT CACACAATTT TAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCACTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACTTGAAT AAAATTTACT660
CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 2214 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTC TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120
CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCTT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180
CTCTTGACTA CTCCCTATT CTGAAGTCGT CTTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300
40 AGTGGTCAAA GAACCAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420
AGATGCCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540
GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCAGTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCCNT AGACAGGGTG 660
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAGAGA1140
GTGGGGTAGC AGGAGACCCT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGACTTAGAG GTGGTGTGG1200
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAAG GCCTTGCAAG1260
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTT1380
TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTGCGGTGT1560
TCTCCACCGC CCCCACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620
TGGAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAACTGC CACAATTGCT TTGATTATTC1680
5 CATTATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740
CGAGCAGTAA GATATAAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGAACACTA1800
GGCATAAANT GGTTTATTNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920
GCAGGGCAGC TCATATTTCG GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAC CTCCTGTTTT1980
10 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTCATAATT2100
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGGAAAGCTAC GTCCCGGAGG 60
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCCGCTTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCCCTCGGCG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240
CCGCGCGCGG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420
CTTCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480
TGACCAATGG CTTCCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAAC TGAAGTCACT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660
50 ATCAGCCAGA GAAGCCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTCATGCA 720
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTA GCAGAAGACA 780
CTGAGATCTG GTTCCTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840
CCTATTACCG CCTGCTCATC ACCCACCTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTACCA 900
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTCAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960
55 ACACAAACCT GCTCACAGAA GAGACCGACT CCTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020
TGTTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCTCCG GTCCCTCCAC TTCCTCCACT TCTAAATCCT1140
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAAC CTCTACCAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTGTGTC TGTCCCTGC CTCTGGAAGC1380
AATGGGGAAT GTGGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCTC CGGGCCCAGT 60
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGTATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180
CTCCTCAGCT TCAAGAAACT AGAATGAACC GAAGCATTCC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TTCCCCGGAA GAGGAATCAG 300
35 AACCACCTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360
TTCACAATTC CTCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAATCACC 420
AGCGGCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCGCACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540
TCAGCGAGCC TGCCTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTCAT 600
40 TTATGGA AAA ACCTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNCACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCCCAG CCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCCTGG AAGTCCCGAT1020
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140
GAANNNGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACCA GCCACCTAAT1260
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGGAG TGCCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320
CAGCCTCCGT CCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAAC1380
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGTTG TAAATGGCTT CCAAACCTGCA1500
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCCNAAA NTACAAANNC1620
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCCACCT GGCTTCAGAA1800
CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860
AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920
TGTGANACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTTCT1980
5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNNGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040
CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCC ANGGAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100
GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160
TCTGCTTTTN AAAAAACCA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220
NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280
10 GTNNGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340
ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACCT GATTTCATGTA CAAATAATAA2400
AATGTTTACT CTTTGTAAA AAAAAA AAAA 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60
ACCCAGAGG CAAGGAAAT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAACTTAA AGGAGTATAT 120
40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTT 180
CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTT 240
AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300
TAAAGGTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360
ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTGTGTGTT 420
45 GCATAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAAGGGTG GTTCTTTAG CTCTTCCAC 480
ATCTCTCTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTCATGA TAAACGTTT CTTTTTTT 540
TTTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAAGAGGA GGAAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600
TTTCTGCTT TTGACCCATC ACACCCCAT TCTCTCTCT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660
AAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720
50 ATGTGGAAAG AGCTAAAGAA ACCACCTTT GTTCCCACT CCACTTACC CATATTTAT 780
GCAACACAAA CACTGTCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840
ATCGTATTC ACGTTTTTAG CCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900
TATTATTGCT ATATCTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960
CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG 1020
55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACTTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG 1080
ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCAATATA GGGTAATGGA AATTCCTGC CCTCTGGGTT 1140
CCCCATTTT ACTATTAAGA AGACCAGTGA TAATTTAATA ATGCCACCA CTCTGGCTTA 1200
GTAAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG 1260

CCCAGGCCTT ATGTTAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320
GCAAGCATT TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTGT GTTGGTTGG1380
TTTAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 741 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CCTCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAAA AACCAAGGCG 60
GATGACTTGG GGTTCGGATC CCCTTCGGAT GTCACCTGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCCTG CATCCTGCTG240
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCCTC300
35 AATTTTCAGCA GCACCGAGCG GTTATAATT CATTAGTTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420
CACCTCAAAT AGTAATTTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAAACA CAGGTCTGGG480
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCAACCTC540
TTCCCATTCA TTACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACTACTCTG TGGCCTGACA600
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTC660
ATGATTCCTT TATGATTTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTT720
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

45

- (A) LÄNGE: 470 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

10 TDQPNIQSVK IHSLPLRNPV KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPKGTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQKDVE GSTSPQIGDK VEFSDSDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
15 NYEVDGSKKL FFHVKEVDG IELQAGDEVE FSVILNQRGT KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420
RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMGFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKVYEDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDI VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGIP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120
PKPMMTLGRD IT 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- 25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60
PNFQERIKIK TNGLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120
HTPQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKPLRS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

20

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35 LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60
DVIYIGGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQGCLSF LLALSEIWNF120
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NFVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60
PVTCLKQESQ LPGPDQLQQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLLF VNTLERSYRL120
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRRA180
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

30 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
LLFSFGFEEE LKSLL 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

- 35 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGQAQPL LFLGGKLRFK LPGGKSMGRK60
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFSHPSNS L 91

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

LIRCLRLFH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

LLPLLLLLLIH GDTPXGPGPX XQEAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120
FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

QTDNLSESRQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALX XTLLXKXAPC EVNWWXVRGS 60
XXCXGAPAXT PXPXQRXAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120
XPRPAASPRT SCPSTLPQAT KTPRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

20 SQGVLSSDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTSCTS HLHPRICMI 60
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFSG120
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180
SLGGSGLLRP EPPVSFPYLH YDAPLPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240
SFCGKKVVTG GAIIPFPLAP GQSLPDSLMO FGGATPWTPS SACGEPSTGR CFAQSVVLRG300
YRQSMHPKPQ NQDRTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSLP360
PLLKLQSTGY GSGWFPQGR SSVSLSLPQQ WRASQCLGHC VPLRPCTRPW KPWPETSPNS420
TCGAGPASWM LEWSTMT 437

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

- (A) LÄNGE: 277 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

45 TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNQVGPEVR SCPKASPRLO KEREQKAVS 60
ESEALMLVWD ASETKLPST VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPDQ ERWLPSSRAR120
VKTRDRTCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQPKA AEATVCANNS180
KVSSTGEKVV LWTREARVI LTMCEQGAQ PQTENIISQQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240
HTACEASSED EDDATSTNA DQLSDHGDLL SEELDE 277

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFGCCSPS120
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60
VFLALLLDNM LLTVVVP IIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120
TMVTGNATRD LTLHQTATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180
NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQIGIG SSCSSVAGMG240
40 MLASVYTDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGA1300
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360
RKWQLGVAFL PASISYLGIT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVSVILCI PFPKNIYGLI420
APNFGVGFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480
AIGFPWLMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540
45 GEDEESES D 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

50 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYIS KKHLWTHSSE LWSWFCKWNG 60
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVQVQ QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60
PADQRQLAQG HGSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSGLR QSGREF 106

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSRLSVTLMP VQLSEHPEWN ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTYPAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240
5 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

10

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHVVGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVLLAV ALLAGAARQE120
EPALQRVTPA GRIMDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PEGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

35

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

50

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHSNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120
AGPSQTSPL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

- 5 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAALKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTSOGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
20 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

- 25 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

40 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIIVW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

- 45 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIICY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP GMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDP TPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDL LLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDL L L L LARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRARS LR DRCARAPCPH GGOQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLP I FKLK ESTVRRRYSD120
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAF LRQFLL EEMMEY LMTI LLRKENKGWS SL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

- 45 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPPSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60
PHAKLLPAPL KLPPSPGK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30 FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120

LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFLNNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIIIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQAK KIPIVPSLAD AS 262

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

- (A) LÄNGE: 336 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

15 KLNENTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRLSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKL LN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMDVDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180
VGFPVRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMLVIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240
ALIDDTQNC DDIAMNFIK HIGKTSGIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FPVWFSICQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60
SLYNRKKS AV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHPG I 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTRMT60
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFNF 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFILFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120
ACPSEALLSP PGSHGWFPIS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

30 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPXK 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQXSID VXRIYTVXRN XXXXFXKNRN120
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNL TKLXFKIKLM 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

15

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLSFYSSN 60
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFVKXP NLLLAFSW 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

20

- (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHSVR PDLCSNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDSETGNLQG GVFPSPFLFL120
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLLL VLAHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVRQKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPHIW STLLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120
GLEVHRSRGV PLGTKDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDG MKV 60
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWKMG TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLHKYV LCTCPMLG NR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKNKNYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60
VPRNWN PQRS YTG DNSALIL 80

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARNDS LPPTLTPAVP PYVKLGTLTVV YTVFYALLFV 60
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120
CFPVCLQFFT LTLMLNYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVAVS LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWINVSD QADLKNQLGD AGYVLFVGVV300
FWWELLPTTL VVYFFRVRNP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIA360
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAVSPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAGPS PQRLLLLAHAD PGRAPLREAW 60
PHRRLLHRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLLQRLR120
35 GGQFAQPLRL LAALLLPCVP AVFHPhADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRTQI PVAPLPGLPL180
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LG FENHLREV QVHQREG EKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPRGSPRIA P 161

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25 HKKTSSYSYGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45

VTCLSLYVET NFTMITDLCN ISSLNFTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60
NEFVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFFLLPFL180
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFTFP LCSLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300
LEVTSXFFFS PLRNSKWPNL CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRLVLP FFFFFFFFTR360
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5
TGTSLGXRNG XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSK PSRSMESSPR KGSKKKPVKV 60
EAEYIPIPD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120
DLEVVLKKG NMDEAHIDQV RKKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQQNLQRDY DRAMSLEVQP240
GSRLAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60
LNFDWLLFTS FPRAALHGGP GLGVAWEGIS LLVDFFFLH LPIVFSGALP XSVSXPAAAC120
SSSFPTXAS VPNIPGLPGL TEPRVLDREG XWGPXPFFS FLXFFELLAN SGFLLTLSXG180
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGRPSSLR RAFRRRELPE 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNVCM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
5 YGISPQAKQW FSKYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FSKKNKIVIP KKKGPVQFAG360
GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFSSMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSFG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
GPDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPQLLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20 (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35 NLQITSGLYP GRSPACALKF WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPO QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFP QFEPQRYPAC180
AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

45 (A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5 FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60
QGFSPYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSQVT120
KINICIYNLY YCYIFVDNTE RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180
QPLY 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQGFSPYQREMWKEL KKPPFVPNST 60
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV ESPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTERWCW120
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50 WVKGRKGKPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWEK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRRNCPVQRP TFPFAPHLEF TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRFP60
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60
VKVSTMPLST SSHSLQQGQQ PTLHTTTVA 89

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und
Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-
Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und
20 Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante
davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-
25 552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht
exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
30 chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis
Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel
zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

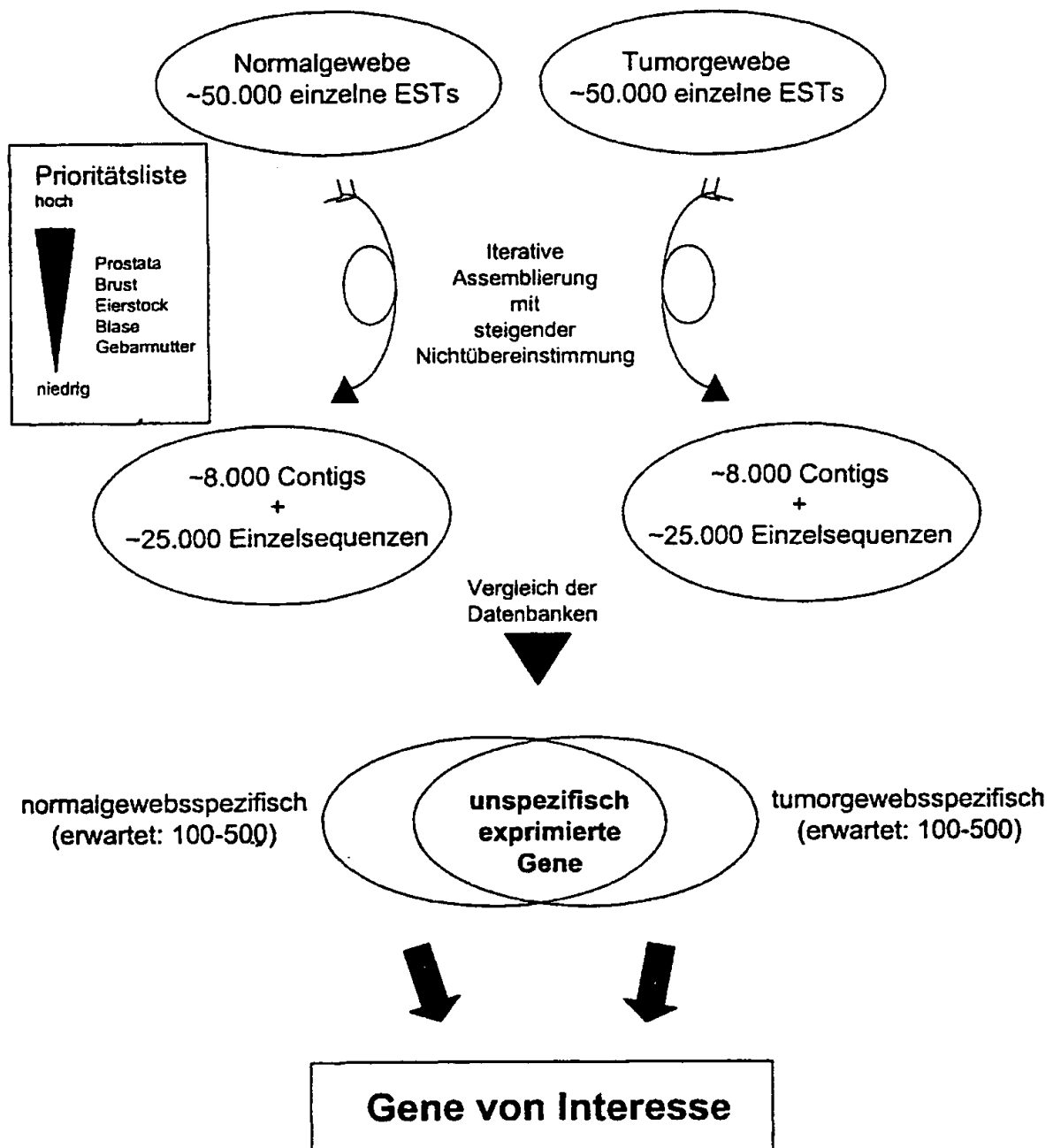


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

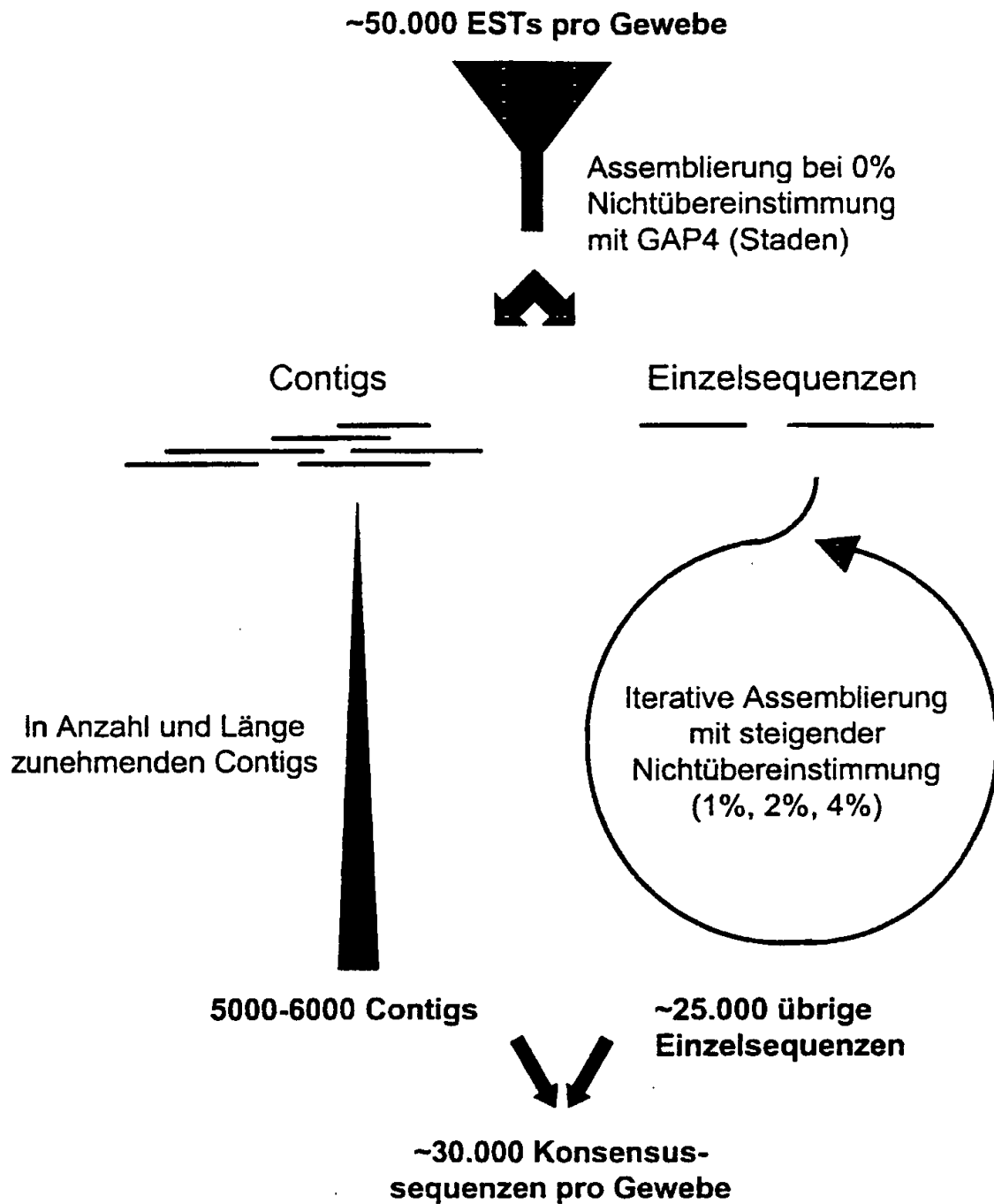


Fig. 2a

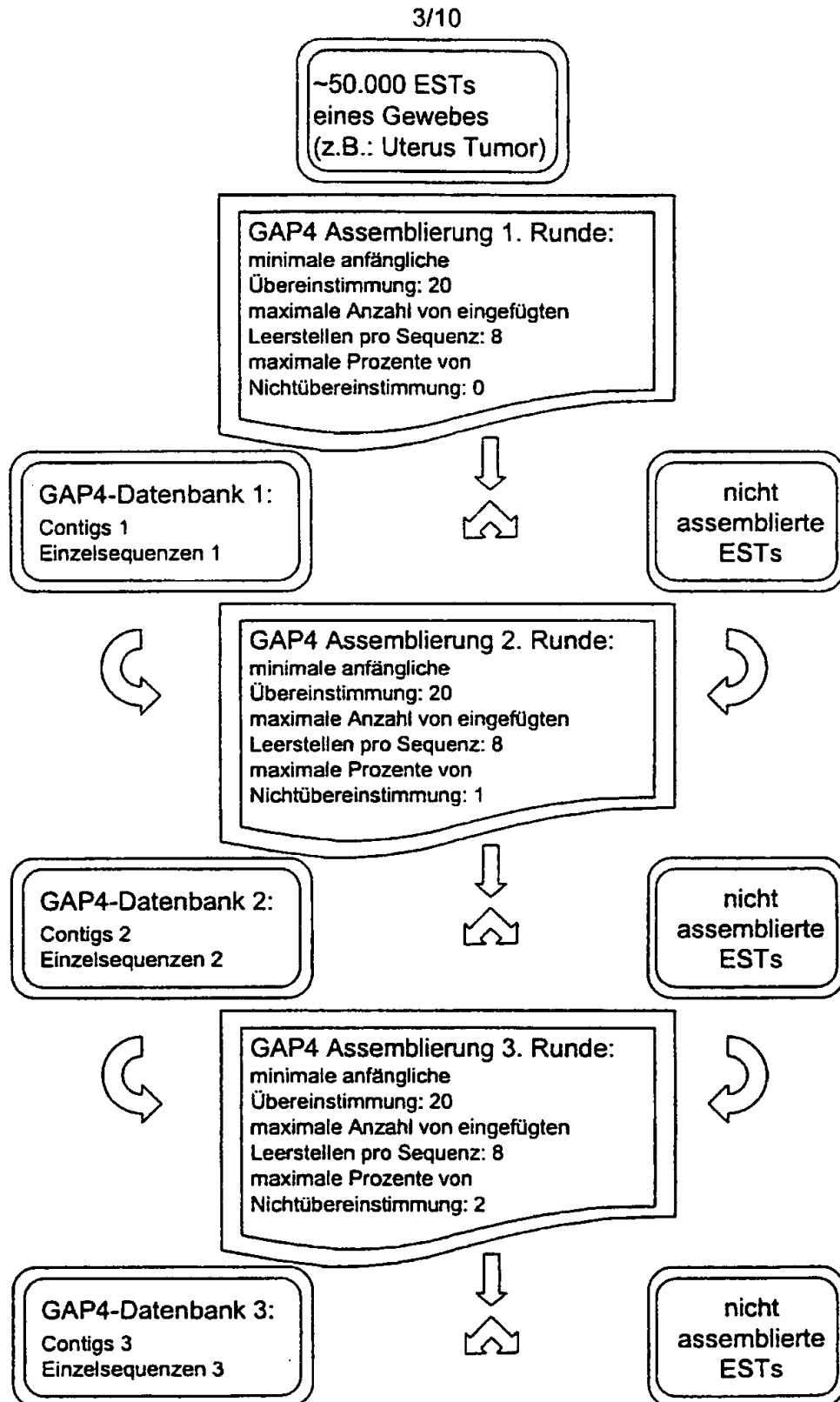


Fig. 2b1

4/10

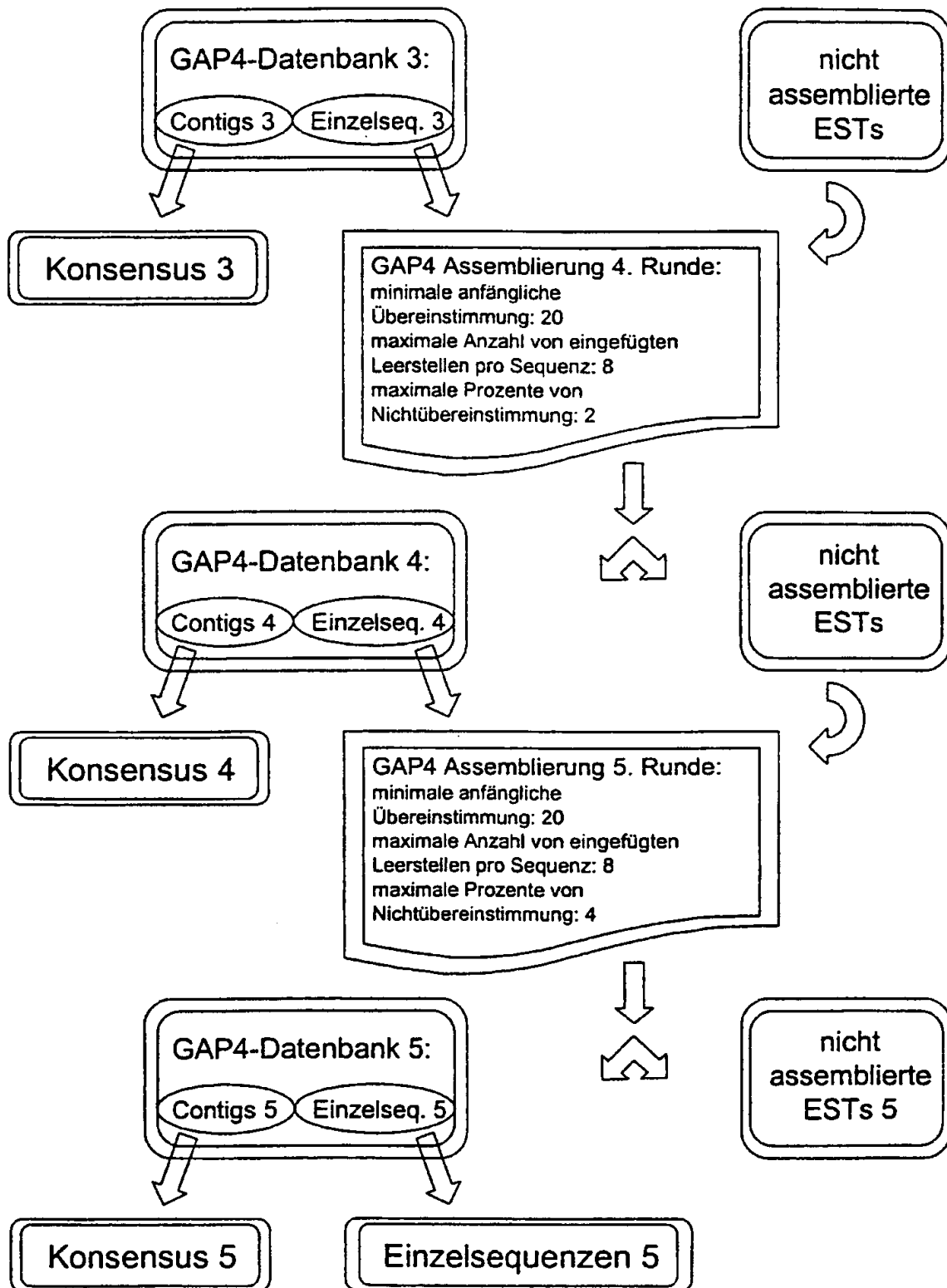


Fig. 2b2

5/10

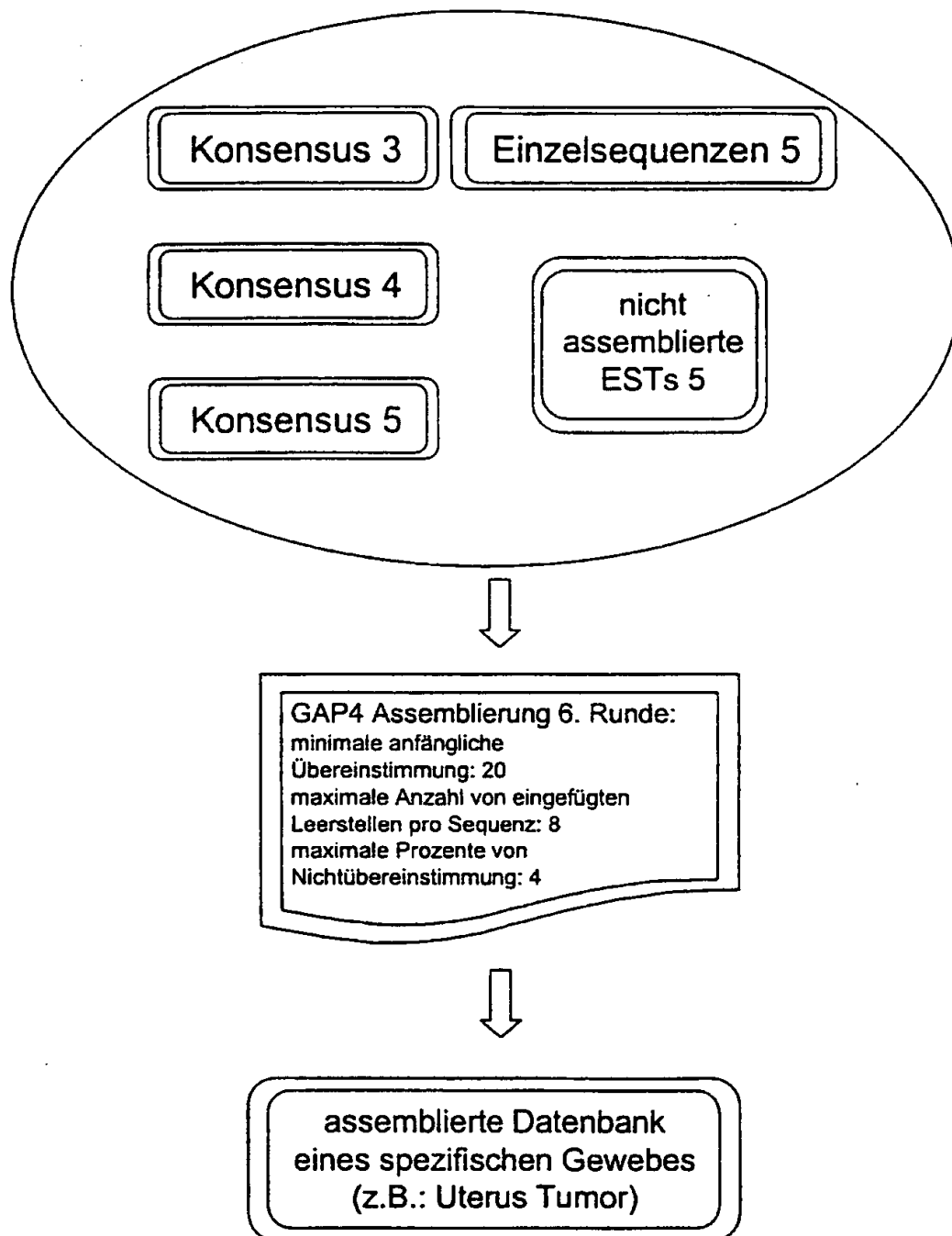


Fig. 2b3

6/10

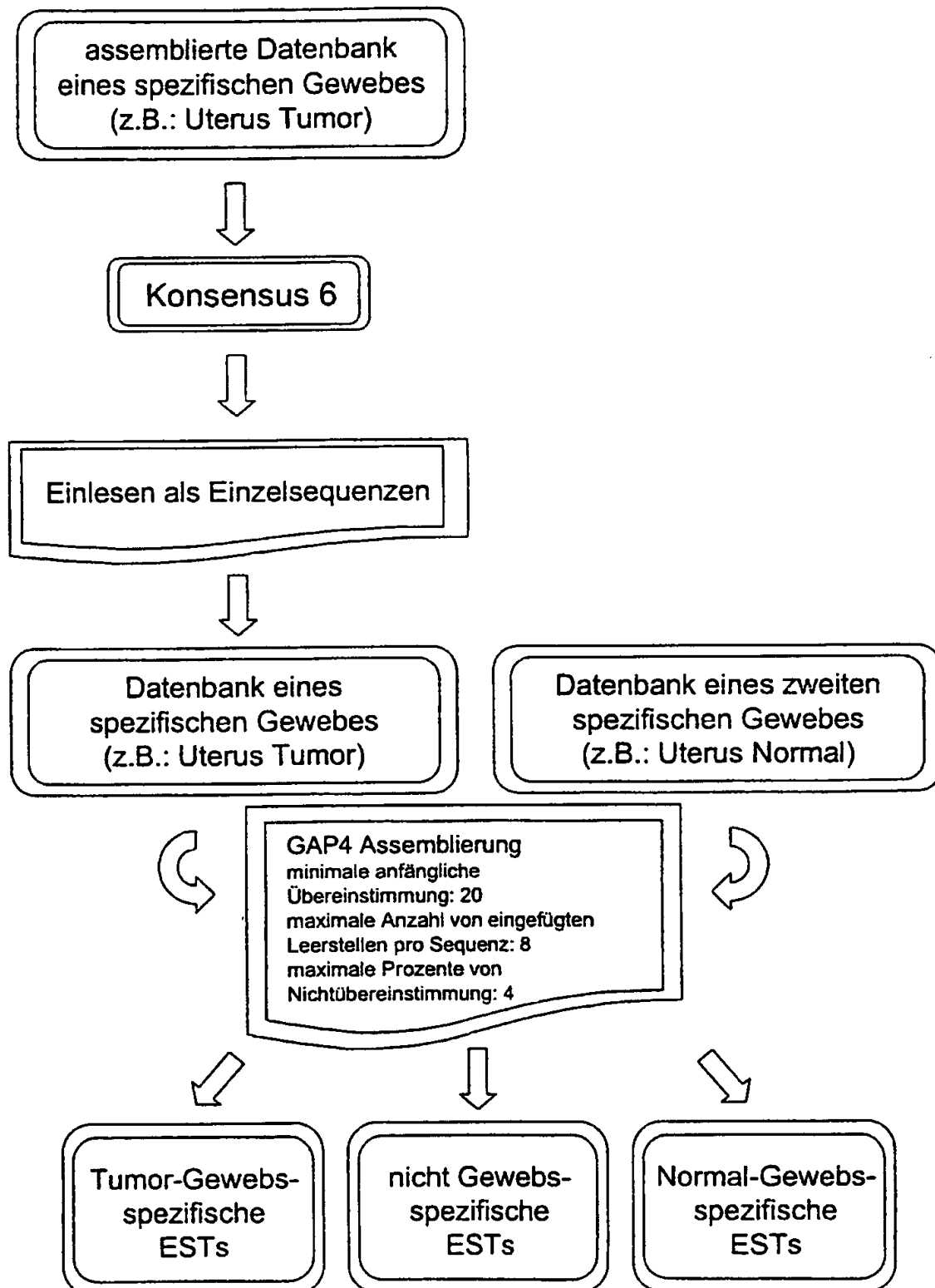


Fig. 2b4

7/10

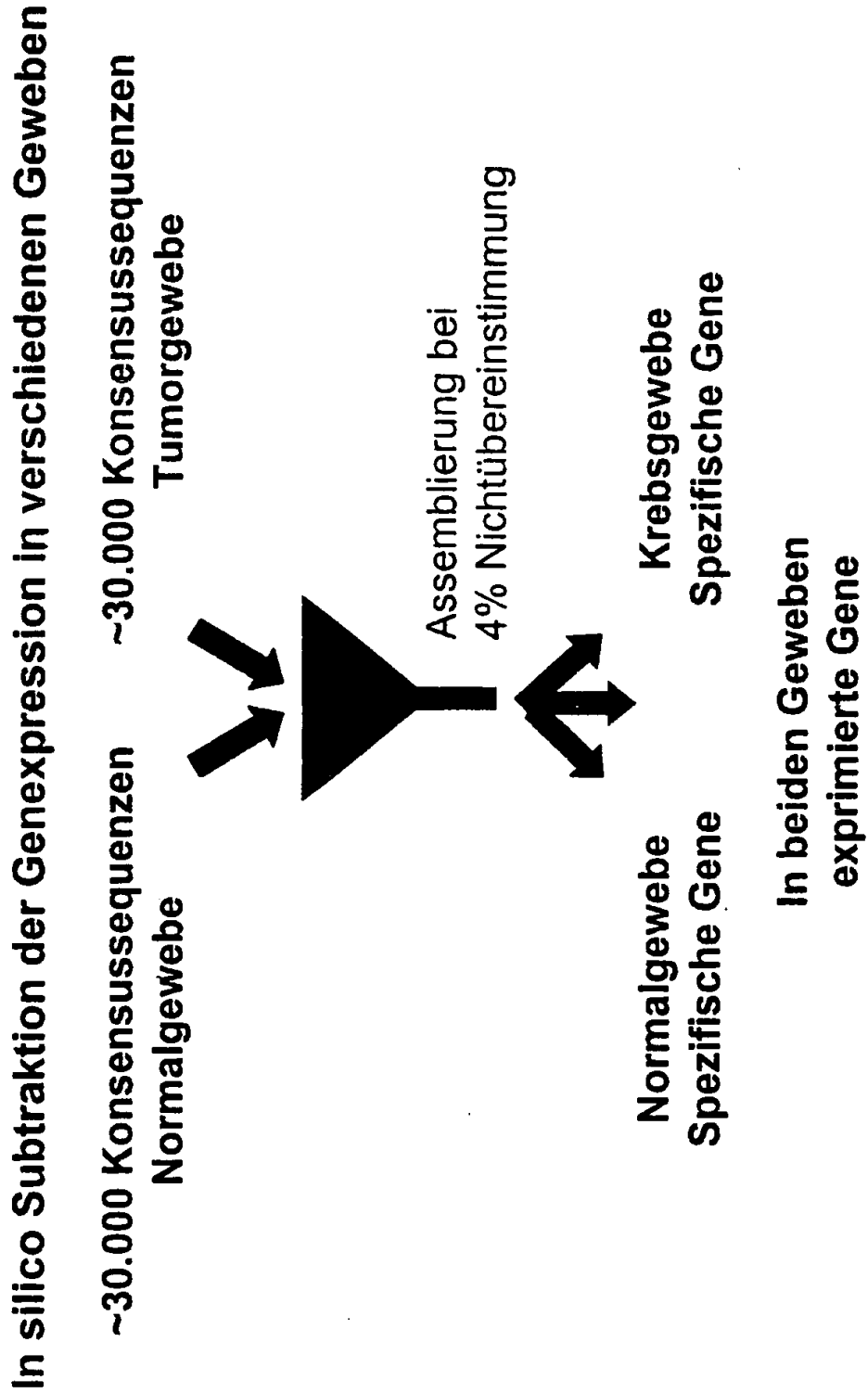


Fig. 3

8/10

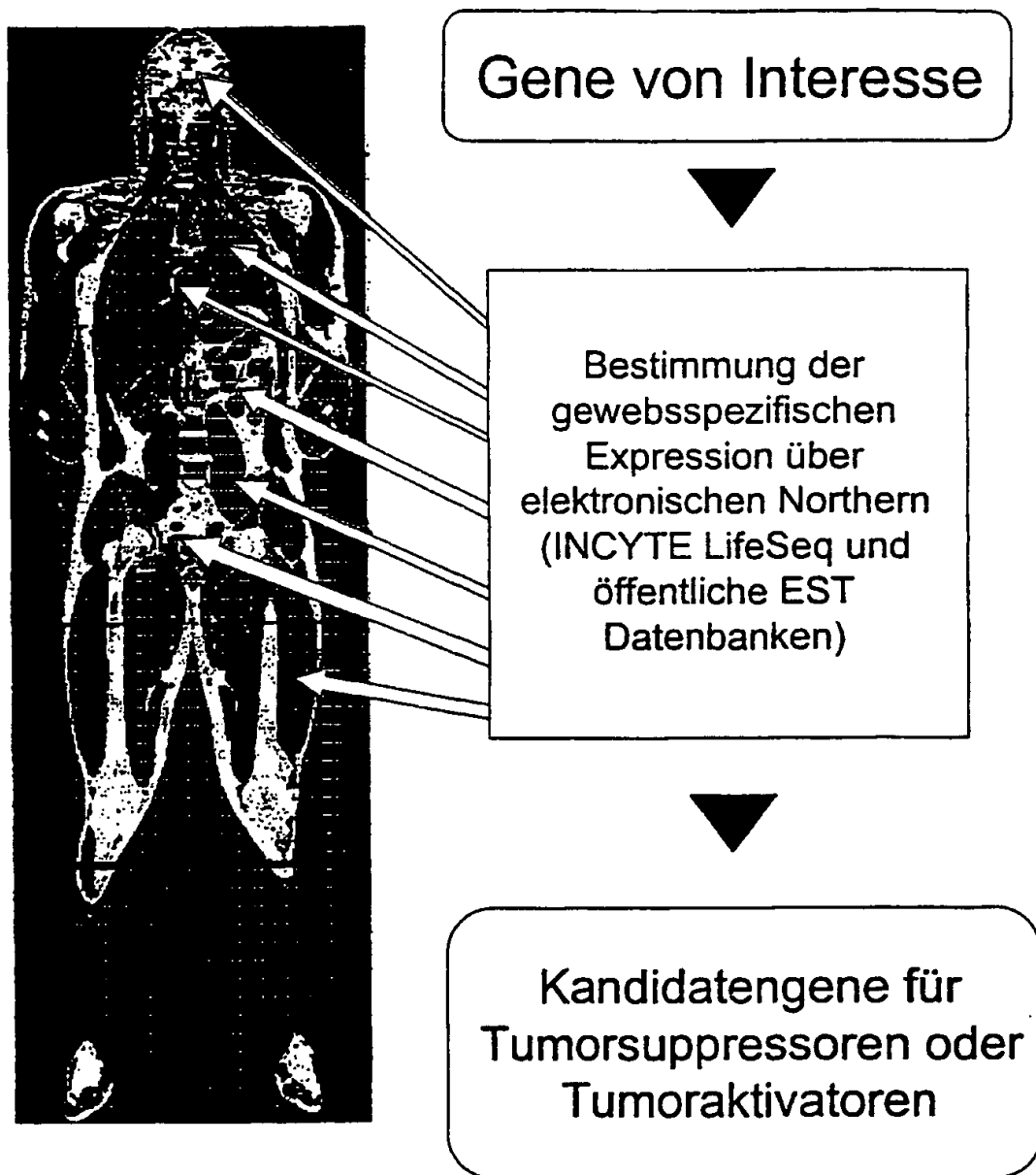


Fig. 4a

9/10

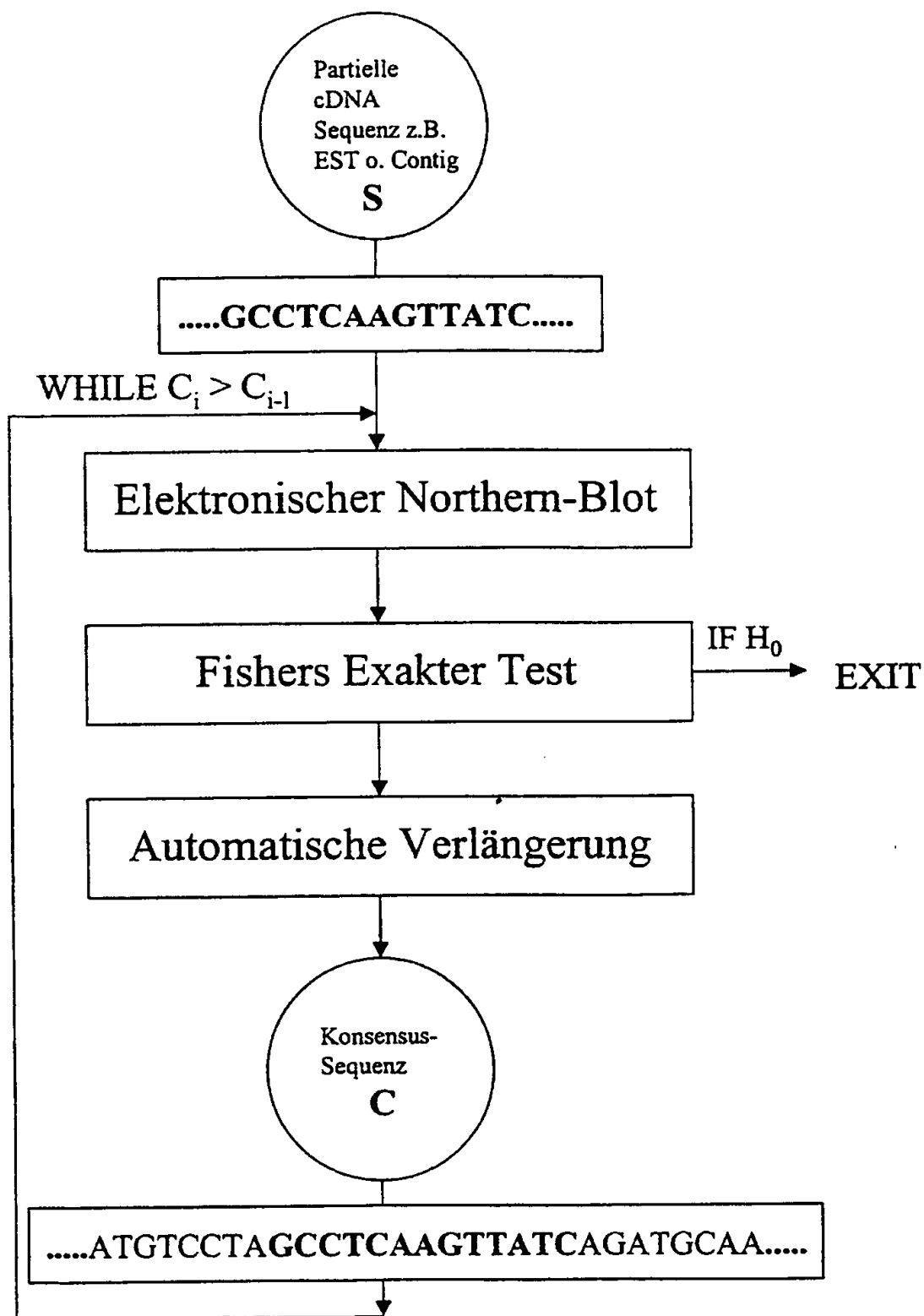


Fig. 4b

10/10

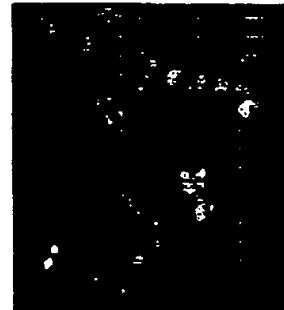
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5